

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum
Internationales Büro



10/525019



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum
4. März 2004 (04.03.2004)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer
WO 2004/019037 A2

(51) Internationale Patentklassifikation⁷: G01N 33/50

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP2003/009229

(22) Internationales Anmeldedatum:
20. August 2003 (20.08.2003)

(25) Einreichungssprache: Deutsch

(26) Veröffentlichungssprache: Deutsch

(30) Angaben zur Priorität:
102 38 046.5 20. August 2002 (20.08.2002) DE

(71) Anmelder und

(72) Erfinder: GIESING, Michael [DE/DE]; Zum Herzfeld 5,
49536 Lienen (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SUCHY, Bernhard
[DE/DE]; Alte Grenzstrasse 89, 45663 Recklinghausen
(DE).

(74) Anwälte: KINZEBACH, Werner usw.; Reitstötter,
Kinzebach & Partner (GbR), Sternwartstrasse 4, 81679
München (DE).

(81) Bestimmungsstaaten (national): AE, AG, AL, AM, AT,
AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR,
CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE,
GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR,
KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK,
MN, MW, MX, MZ, NI, NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT,
RO, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SY, TJ, TM, TN, TR,
TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(84) Bestimmungsstaaten (regional): ARIPO-Patent (GH,
GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW),
eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ,
TM), europäisches Patent (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE,
DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IT, LU, MC, NL,
PT, RO, SE, SI, SK, TR), OAPI-Patent (BF, BJ, CF, CG,
CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Veröffentlicht:

— ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu ver-
öffentlichen nach Erhalt des Berichts

Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes und der anderen Ab-
kürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Co-
des and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der
PCT-Gazette verwiesen.

(54) Title: METHOD FOR ANALYZING BODY FLUIDS FOR THE PRESENCE OF CANCER CELLS, USE THEREOF, COR-
RESPONDING ANALYSIS KITS, AND USE OF SPECIFIC ACTIVE SUBSTANCES FOR TREATING CANCER

(54) Bezeichnung: VERFAHREN ZUM UNTERSUCHEN VON KÖRPERFLÜSSIGKEITEN AUF KREBSZELLEN, DESSEN
VERWENDUNG, ENTSPRECHENDE ANALYSEKITS UND VERWENDUNG BESTIMMTER WIRKSTOFFE ZUR BEHAND-
LUNG VON KREBS

(57) Abstract: The invention relates to a method for analyzing body fluids for the presence of cancer cells, to the use thereof, to
corresponding analysis kits, and to the possibilities for treating cancer that arise therefrom. The method is essentially based on the
determination of the manganese superoxide dismutase, thioredoxin reductase, and/or glutathione peroxidase gene expression. The
use of this method enables, in particular, a reliable diagnosis and prognosis of tumors. The reduction of an elevated expression of
these genes has a therapeutic result and can be used for treating cancer.

(57) Zusammenfassung: Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zum Untersuchen von Körperflüssigkeiten auf Krebszel-
len, dessen Verwendung und entsprechende Analysekits sowie die sich daraus ergebenden Behandlungsmöglichkeiten von Krebs.
Das Verfahren basiert im wesentlichen auf der Bestimmung der Mangan-Superoxiddismutase-, Thioredoxinreduktase-, und/oder
Glutathionperoxidase-Genexpression. Die Anwendung dieses Verfahrens erlaubt insbesondere eine sichere Tumordiagnose und
-prognose. Die Verminderung einer erhöhten Expressiven dieser Gene hat therapeutischen Wert und kann für die Behandlung von
Krebs genutzt werden.



WO 2004/019037 A2

Verfahren zum Untersuchen von Körperflüssigkeiten auf Krebszellen, dessen Verwendung, entsprechende Analysekits und Verwendung bestimmter Wirkstoffe zur Behandlung von Krebs

- 5 Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zum Untersuchen von Körperflüssigkeiten auf Krebszellen, dessen Verwendung und entsprechende Analysekits sowie die sich daraus ergebenden Behandlungsmöglichkeiten von Krebs. Das Verfahren basiert im Wesentlichen auf der Bestimmung der Mangan-Superoxiddismutase-, Thioredoxinreduktase-, und/oder Glutathionperoxidase-Genexpression. Die Anwendung dieses Verfahrens erlaubt
- 10 insbesondere eine sichere Tumordiagnose und -prognose. Die Verminderung einer erhöhten Expression dieser Gene kann therapeutischen Wert besitzen und für die Behandlung von Krebs genutzt werden.

Insbesondere aerobe Organismen sind zeitlebens oxidativem Stress ausgesetzt. Sowohl

15 endogene als auch exogene Faktoren führen zur permanenten Entstehung freier Radikale, vor allem in Form reaktiver Sauerstoffspezies. Ohne einen entsprechenden antioxidativen Schutz hätten die mit der Reaktion der freien Radikale einhergehenden Schäden an Zellbestandteilen und zellulären Strukturen alsbald den Tod der Zelle zur Folge.

- 20 Wenngleich der Organismus in der Lage ist, den größten Teil oxidativer Schäden zu vermeiden, scheint der sehr komplexe und in jeder einzelnen Zelle aus mehreren hundert Komponenten bestehende antioxidative Schutz nicht lückenlos zu sein. Stattdessen ist davon auszugehen, dass mit zunehmendem Lebensalter oxidative Schäden akkumulieren, was Anlaß zu der Annahme gab, dass dies ein wesentlicher, wenn nicht der entscheidende
- 25 Faktor des Alterungsprozesses sei. Auch die Entstehung von Krebs wird in diesem Zusammenhang diskutiert.

In menschlichen Gewebe gibt es mindestens drei verschiedene Superoxiddismutasen (kurz SOD). Dazu gehören die zytoplasmatischen Cu/Zn-Superoxiddismutasen und die

30 mitochondriale Mangan-Superoxiddismutase (kurz MNSOD). Diese katalysieren die Zersetzung von Superoxidradikalen ($O_2^{\cdot -}$), wobei Wasserstoffperoxid (H_2O_2) entsteht, das wiederum von Katalasen und/oder Glutathionperoxidasen zu H_2O und O_2 zersetzt werden kann.

- 35 Es konnte gezeigt werden, dass die Entwicklung von kolorektalen Tumoren und deren Lebermetastasen assoziiert ist mit einem signifikanten Anstieg der MNSOD-Expression (Janssen et al. J.Cancer Res Clin. Oncol. 125(6), 327-35, 1999). Das konnte auch bei

Lungentumoren (Chung-man HJ, et al. Cancer Research 1; 61(23), 8578-85, 2001) und bei Brustkrebszellen (Zhongkui Li et al., Free Radical & Medicine 30; 260-267, 2001) gezeigt werden. In klinischen Studien wurde beobachtet, dass ein erhöhter MNSOD-Antigenspiegel bei kolorektalen Karzinomen, bei Magentumoren und bei Glioblastomen ein unabhängiger prognostischer Faktor für die verringerte Überlebensrate der untersuchten Patienten ist (5 Janssen AML et al. Br. J. Cancer, 78(8) 1051-1057, 1998; Janssen AML et al. Clinical Cancer Research Bd. 6., 3183-3192, 2000; Ria F. et al. British Journal of Cancer 84(4) 529-534, 2001). Andererseits zeigten sich epitheliale Zellen von in situ-Brustkarzinomen und benignen Hyperblasien öfter stark positiv für die MNSOD-Expression als neoplastische epitheliale Zellen von invasiven Brustkarzinomen (10 Soini Y. et al. J Pathol Sep.195(2),156-62, 2001).

Die Thioredoxinreduktase (kurz TXNRD) ist ein Schlüsselenzym für die Regulation des intrazellulären Redoxzustandes. Dieses Enzym katalysiert die NADPH-abhängige Reduktion von Thioredoxindisulfid und einer Vielzahl weiterer oxidierten Zellbestandteile (15 Becker K, et al. Eur. J. Biochem. 267, 6118-6125, 2000). Eine konstitutive Expression von TXNRD konnte bereits in verschiedenen menschlichen Zelltypen, z.B. Leukozyten, nachgewiesen werden. Neueren Studien zufolge wird der TXNRD-Expression eine Beteiligung an der Entwicklung von Tumoren zugeschrieben (20 Söderberg A. et al. Cancer Research 60, 2281-2289, 2000).

Der Glutathionperoxidase (kurz GPX) kommt eine wichtige Rolle bei dem Schutz vor oxidativem Stress zu. Dieses Enzym katalysiert die Zersetzung von H₂O₂ zu H₂O und O₂. Eine Überexpression von GPX1 kann daher Zellen vor oxidativer Zerstörung schützen und scheint insbesondere dann wichtig zu sein, wenn auch die MNSOD überexprimiert wird, da es sonst zu einer Akkumulation von H₂O₂ kommen kann (25 Li S., et al. Cancer Research 60, 3927-3939, 2000). In Imexon-resistenten RPM/8226/I-Myelomzellen beobachtete man eine verringerte GPX1-Expression (Dvorakova K. et al. Molecular Cancer Therapeutics 1, 185-195, 2002).

Durch die Identifizierung und Charakterisierung disseminierter Krebszellen konnten in den letzten Jahren erstaunliche Fortschritte bei der Diagnose, Prognose und Therapie von Krebs erzielt werden. Dieser Ansatz beruht auf der Erkenntnis, dass die disseminierten Krebszellen eine vom Primärtumor unabhängige Tumorentität sind und daher grundsätzlich von Zellen des Primärtumors aufgrund eines anderen Geno- und Phänotyps zu unterscheiden sind. So gelingt es beispielsweise, mit Hilfe von Multiparameteranalysen (35 unabhängig vom Status des Primärtumors Fragestellungen mit prognostischer und

therapeutischer Relevanz bei einer Reihe von Brustkrebspatientinnen zu beantworten
(Giesing M. et al., The International Journal of Biological Markers Bd. 15 (1), 94-99, 1999).

- Aufgabe der vorliegenden Erfindung ist es zum einen, ein weiteres praktikables Verfahren
5 anzugeben, das eine sichere Krebsdiagnose erlaubt. Vorteilhafterweise sollte das Verfahren
auch prognostische Fragestellungen zum weiteren Verlauf einer Krebserkrankung
beantworten. Eine weitere Aufgabe der vorliegenden Erfindung ist es, Targets für die
medikamentöse Behandlung von Krebs anzugeben.
- 10 Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Verfahren zum Untersuchen biologischer
Proben auf Krebszellen, wobei man an wenigstens einer zellhaltigen Fraktion der
biologischen Probe die Expression von wenigstens 2 Genen bestimmt, die ausgewählt sind
unter
- 15 i) Mangan-Superoxiddismutase-Genen;
ii) Thioredoxinreduktase-Genen; und
iii) Glutathionperoxidase-Genen.

- Der Begriff Krebszelle steht erfindungsgemäß für eine Zelle, die eine oder mehrere mit
20 Krebs, also Entartung im allgemeinen Sinn, in Zusammenhang stehende Modifikation
aufweist. Grundlage dieser Definition ist die Vorstellung, dass es sich bei der Entstehung von
Krebs um einen kontinuierlichen Veränderungsprozess handelt. Beispielsweise bedarf es in
der Regel mehrerer Veränderungen, insbesondere des genetischen Materials bzw. der
Expression des genetischen Materials von Zellen auf dem Weg von einer Normalzelle zu
25 einer Krebs- und insbesondere zu einer Tumorzelle. Der Begriff Krebszelle umfaßt daher
auch Vorstufen von Krebs- und insbesondere Tumorzellen mit krebsartigen bzw. tumorösen
Modifikationen.

- Die erfindungsgemäße Genexpressionsanalyse beinhaltet die Bestimmung der Expression
30 von wenigstens zwei Genen (Parameter). Die Analyse eines einzelnen Parameters gliedert
sich im Wesentlichen in drei Verfahrensschritte:

- a) Zweckmäßige Bereitstellung des zu bestimmenden Genexpressionsproduktes;
b) Quantifizierung des Genexpressionsproduktes;
35 c) Auswertung.

Die Verfahrensschritte a), b) und c) werden vorteilhafterweise in der angegebenen Reihenfolge durchgeführt. Die Untersuchung mehrerer Parameter kann in getrennten Verfahren oder, gemäß einer bevorzugten Ausführungsform der vorliegenden Erfindung, zumindest teilweise parallel in einem entsprechend ausgestalteten Verfahren erfolgen, wobei

5 zumindest die Verfahrensschritte a) und b) für wenigstens 2 der erfindungsgemäßen Parameter i), ii) und iii) parallel durchgeführt werden.

Gemäß einer besonderen Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens wird die Expression wenigstens eines MNSOD-Gens in Kombination mit der Expression wenigstens

10 eines weiteren unter Thioredoxinreduktase-Genen und Gluthationperoxidase-Genen ausgewählten Gens bestimmt. Hiervon ist die Kombination von MNSOD-Genen mit TXNRD-Genen bevorzugt.

Gemäß einer weiteren besonderen Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens

15 wird die Expression wenigstens eines MNSOD-Gens, wenigstens eines TXNRD-Gens und wenigstens eines GPX-Gens bestimmt.

a) Die Bereitstellung des zu bestimmenden Genexpressionsproduktes

20 Das erfindungsgemäße Verfahren eignet sich zur Untersuchung von Proben beliebigen biologischen Ursprungs. Eine Ausführungsform betrifft Körperproben humanen und tierischen Ursprungs. Proben wie Gewebe, nativ, gefroren, fixiert, mit und ohne Dissektion, Blut und Blutbestandteile bzw. Isolate davon, weitere Körperflüssigkeiten, z.B. Knochenmark, Lymphe, Sputum, Lavagen, Punktate, Ascites, Schleimhautabstriche, Exsudate und Urin,

25 oder Stuhl, und insbesondere zellhaltige Fraktionen davon, können vorteilhaft mit dem erfindungsgemäßen Verfahren untersucht werden. Demnach handelt es sich um ein in vitro Verfahren.

Gemäß einer bevorzugten Ausführungsform der vorliegenden Erfindung werden

30 Körperflüssigkeiten, insbesondere Blut und Blutbestandteile bzw. Isolate davon, und auch Knochenmark untersucht, in denen gegebenenfalls Krebszellen zugegen sind. Körperflüssigkeiten werden insbesondere auf disseminierte Krebszellen untersucht.

Der Begriff „disseminierte Krebszelle“ definiert sich insbesondere im Verhältnis zu soliden

35 Tumoren, also vor allem Primärtumoren, Metastasen und Rezidiven. Im Gegensatz zu soliden Tumoren können disseminierte Krebszellen im Körper eines Individuums zirkulieren. Dies geschieht in der Regel über körpereigene Transportorgane, vor allem

Körperflüssigkeiten, insbesondere Blut. In der Regel leiten sich disseminierte Krebszellen von einem soliden Tumor dadurch ab, dass sie zunächst Teil eines soliden Tumors, also insbesondere des Tumorgewebes, sind, von dem sie sich in Folge ablösen. Dadurch verlassen disseminierte Krebszellen den durch den soliden Tumor vorgegebenen

- 5 Körperbereich, insbesondere die vom Tumor befallenen morphologischen Struktureinheiten, beispielsweise das Organ, und gelangen unter anderem an Orte, zu denen ausgehend vom soliden Tumor kein morphologischer Zusammenhang besteht.

- Einem besonderen Aspekt zufolge sind disseminierte Krebszellen gekennzeichnet durch ihre
- 10 relativ geringe Menge in einer Probe bezogen auf gleichermaßen vorhandene Nichtkrebszellen, d.h. sie machen in der Regel einen vergleichsweise geringen Anteil der zellulären Bestandteile der Probe aus. Man bezeichnet sie daher auch als Restkrebszellen (minimal residual disease, kurz MRD). Betrachtet man beispielsweise zellhaltige Körperflüssigkeiten, so liegt der Anteil disseminierter Krebszellen in der Regel unterhalb von
- 15 1:1000, meist unterhalb von 1:10.000 und in vielen Fällen sogar unterhalb von 1:100.000, bezogen auf die Anzahl von Nichtkrebszellen einer zufällig gewonnenen Probe der Körperflüssigkeit. Im Falle von Blut gelten diese Verhältnisse insbesondere in bezug auf mononukleäre Zellen (kurz: MNC).

- 20 In der Regel untersucht man disseminierte Krebszellen an zellhaltigen Gemischen, die gegebenenfalls neben Nichtkrebszellen disseminierte Krebszellen aufweisen. Für die erfindungsgemäß durchzuführende Bestimmung der Genexpression können die Gemische unterschiedliche Anteile an disseminierten Krebszellen aufweisen. Krebszellanteile von wenigstens 50 % sind jedoch zweckmäßig, Anteile von wenigstens 70 % bevorzugt und
- 25 Anteile von wenigstens 80 % von Vorteil.

- Mit Blick auf die erfindungsgemäß durchzuführende Genexpressionsanalyse erfolgt erforderlichenfalls eine vorbereitende Aufarbeitung der in der Probe vorhandenen zellulären Bestandteile und insbesondere der zu bestimmenden Genexpressionsprodukte, wodurch
- 30 diese im Hinblick auf das erfindungsgemäße Verfahren in einer zweckmäßigen Form bereitgestellt werden. Eine solche Aufarbeitung entspricht in der Regel üblicher Praxis und orientiert sich insbesondere an den Erfordernissen für die protein- bzw. nukleinsäureanalytische Expressionsbestimmung.

- 35 Eine darüber hinausgehende Anreicherung von Krebszellen und insbesondere von disseminierten Krebszellen kann ebenfalls in an sich bekannter Weise erfolgen, beispielsweise über bekannte Verfahren zur Isolierung von Krebszellen, wie

immunspezifische Adsorptionsverfahren, Mikrodissektionsverfahren, Dichtegradientenverfahren oder Filtrationsverfahren.

Unter Isolierung versteht man im Sinne der vorliegenden Erfindung jegliche Anreicherung eines zu isolierenden Bestandteils aus einem Gemisch, das diesen neben wenigstens einem weiteren Bestandteil enthält. Das Ergebnis der Isolierung kann also durchaus ein weiteres Gemisch sein, das aber im Vergleich zum ursprünglichen Gemisch den zu isolierenden Bestandteil im Verhältnis zu wenigstens einem anderen Bestandteil in höherer Konzentration enthält.

Einem besonderen Aspekt zufolge erfolgt die erfindungsgemäße Aufarbeitung unter Anreicherung von Krebszellen. Dieser Aspekt betrifft vor allem die Untersuchung von Körperflüssigkeiten mit relativ geringen Anteilen disseminierter Krebszellen, insbesondere den vorstehend beschriebenen. Ziel dieser Art von Aufarbeitung ist es, Testzellen bzw. in der Regel ein Testzellgemisch bereitzustellen, die bzw. das dann einen höheren Krebszellanteil als die ursprünglichen Zellen oder das ursprüngliche Zellgemisch aufweisen bzw. aufweist, wenn in den ursprünglichen Zellen oder im ursprünglichen Zellgemisch Krebszellen vorhanden sind. Die ursprünglichen Zellen, das ursprüngliche Zellgemisch oder Teile davon können als Vergleichszellen oder Vergleichszellgemisch dienen, die bzw. das dann eine niedrigeren Krebszellanteil als die Testzellen oder das Testzellgemisch aufweisen bzw. aufweist, wenn im ursprünglichen Zellgemisch Krebszellen vorhanden sind.

Ein besonderes Verfahren zur Anreicherung disseminierter Krebszellen wird in WO 00/06702 beschrieben. Dieses Verfahren ist durch Bezugnahme Teil der vorliegenden Offenbarung.

Die mit diesem Verfahren anreicherbaren, disseminierten Krebszellen zeichnen sich durch ihren dedifferenzierten, prämetastatischen Charakter aus. Sie werden deshalb auch als Mikrometastasen bezeichnet. Im Gegensatz zu disseminierten Krebszellen, die insbesondere mit immunspezifischen Adsorptionsverfahren anreicherbar sind, d.h. vor allem epitheliale, relativ kleine Krebszellen (insbesondere mit Durchmessern von etwa 20 µm oder weniger) haben die mit dem in WO 00/06702 beschriebenen Verfahren anreicherbaren Krebszellen eine epitheliale-mesenchymale Transition erfahren: sie sind in der Regel größer (insbesondere mit Durchmessern von mehr als etwa 20 µm) und weisen das organotypische Expressionsmuster und/oder die epitheliale Expressionscharakteristik der insbesondere mit immunspezifischen Adsorptionsverfahren anreicherbaren disseminierten Krebszellen in der Regel nicht mehr auf. Während also bei den epithelialen, disseminierten Krebszellen über das organotypische Expressionsmuster und/oder die epitheliale Expressionscharakteristik noch ein gewisser Zusammenhang zum Primärtumor besteht, sind die mesenchymalen,

disseminierten Krebszellen unabhängig vom Primärtumor. Dies macht sie zu disseminierten Krebszellen, die erfindungsgemäß bevorzugt zu untersuchen sind.

Bei dem in WO 00/06702 beschriebenen Verfahren werden eine zellhaltige Körperflüssigkeit
5 oder Teile davon, beispielsweise eine unspezifisch angereicherte Fraktion, durch ein Sieb mit einer Maschen- bzw. Porenweite von etwa 10 bis 200 μm geführt und der auf dem Sieb zurückbleibende Siebrückstand, d.h. die auf dem Sieb zurückgehaltene Zellfraktion, gewonnen. Durch Verwendung von Sieben bestimmter Maschen- bzw. Porengröße, die einen größen- und gestaltabhängigen Trennvorgang ermöglichen, wird im Siebrückstand ein
10 Krebszellanteil von wenigstens 50% erreicht, sofern die zellhaltige Körperflüssigkeit oder Teile davon Krebszellen aufweisen. Als Siebe werden bei den bekannten Verfahren flächige oder poröse Gebilde mit Öffnungen verwendet, die so dimensioniert sind, dass in der zellhaltigen Körperflüssigkeit enthaltene Nichtkrebszellen noch passieren können, während Krebszellen bzw. Krebszellaggregate zurück gehalten werden.

15 Gemäß einer vorteilhaften, eine einfache Automatisierung und Standardisierung des Verfahrens ermöglichenden sowie gleichzeitig die Reinheit der filtrierten Krebszellfraktion weiter erhöhenden Weiterbildung dieses Verfahrens, kann man einen Flachfilter mit einer Maschen- bzw. Porenweite von etwa 10-200 μm verwenden, der in einem Filtergehäuse
20 angeordnet ist, welches durch eine geeignete strömungstechnische Auslegung ein gleichmäßiges Durchspülen der Filterfläche ermöglicht. Dies ist insbesondere in der DE 100 54 632 beschrieben und durch Bezugnahme Teil der vorliegenden Offenbarung.

So befördert man gemäß einer besonderen Ausführungsform die zellhaltige Körperflüssigkeit
25 oder Teile davon in einen Einlassstutzen eines Filtergehäuses, führt die Körperflüssigkeit seitlich aus dem Einlassstutzen in einen einlassseitigen Fluidraum des Filtergehäuses und verteilt sie über einem in den Filtergehäuse angeordneten Flachfilter mit einer Maschen- bzw. Porenweite von etwa 10-200 μm im Wesentlichen parallel zur Oberfläche des Flachfilters, transportiert die Körperflüssigkeit oder die Teile davon über den Flachfilter und
30 trennt sie in einem auf dem Flachfilter verbleibenden Rückstand und ein Filtrat auf, sammelt das Filtrat in einem auslassseitigen Fluidraum und führt es über einen Auslassstutzen ab und gewinnt anschließend den Rückstand.

Sollen Krebszellen aus Blut isoliert werden, so ist erfindungsgemäß bevorzugt, zunächst
35 Zellen des weißen Blutbildes durch Dichtegradientenzentrifugation abzutrennen. Krebszellen findet man vor allem in der Fraktion, die auch mononukleäre Zellen enthält, so dass diese Fraktion bevorzugt (im Folgenden mit MNC-Fraktion bezeichnet) der anschließenden

Filtration oder alternativ einem anderen Verfahren zur Isolation von Krebszellen zugeführt wird.

Die Filtration der zellhaltigen Körperflüssigkeit oder der Fraktion ist beendet, wenn die
5 gesamte zellhaltige Flüssigkeit das Sieb bzw. den Flachfilter passiert hat. Es kann sich ein
Waschvorgang anschließen, bei dem weitere Flüssigkeit, vorzugsweise Puffer oder
Kulturmedium, durch das Sieb bzw. den Flachfilter geführt wird. Die Waschflüssigkeit kann
zu dem zuvor gewonnenen Filtrat gegeben oder auch getrennt davon gesammelt und
gegebenenfalls verworfen werden.

10

Die auf dem Sieb bzw. Flachfilter zurückgehaltene Zellfraktion kann direkt der sich
anschließenden Expressionsanalyse oder zunächst der Aufbewahrung zugeführt werden.
Vorteilhafterweise wird der die Krebszellen enthaltende Rückstand zunächst von dem Sieb
bzw. Flachfilter abgelöst und gesammelt. Je nach Art der anschließenden Verwendung kann
15 man zu diesem Zweck verschiedene Vorgehensweisen wählen.

20

Man kann beispielsweise den Rückstand in einer Lösung inkubieren, die zur Lyse der Zellen
führt und die Gewinnung von Zellbestandteilen, wie Nukleinsäuren, Proteinen oder Lipiden
erlaubt. Dabei ist es vorteilhaft, wenn die Lösung während der Inkubation bewegt wird. Bei
einer manuellen Ausführung des erfindungsgemäßen Verfahrens kann man beispielsweise
jeweils einen Spritzenkolben am Einlass- und am Auslassstutzen der Filtervorrichtung
anschließen und die Lösung zwischen den beiden Spritzen hin und her pumpen. Bei einem
automatisierten Verfahrensablauf kann eine entsprechende Bewegung der Lösung durch
Fördermittel, wie beispielsweise Pumpen realisiert werden.

25

Zur Gewinnung vitaler Krebszellen löst man den am Flachfilter anhaftenden Rückstand
vorteilhaft durch Rückspülen des Filters mit einer Flüssigkeit ab, die man vom
auslassseitigen Fluidraum des Filtergehäuses in den einlassseitigen Fluidraum fördert.

30

Vorteilhaft handelt es sich bei der Rückspülflüssigkeit um eine Pufferlösung oder ein
Kulturmedium. Die so gewonnen Krebs- oder Tumorzellen können beispielsweise zur
Gewinnung von Zellbestandteilen oder von Vakzinen kultiviert werden. Alternativ können
Krebszellen mit Zentrifugalkraft oder mittels sogenannter optischer Pinzetten von der
Filteroberfläche abgelöst werden.

35

Geeignete Siebe bzw. Flachfilter weisen in der Regel eine Maschen- bzw. Porenweite von
etwa 10-200 µm, vorzugsweise von 15 bis 30 µm, besonders bevorzugt von 17-27 µm und
ganz besonders bevorzugt von etwa 20 µm auf. Vorteilhaft ist der Flachfilter als

Membranfilter ausgebildet, wobei typische Filtermaterialien, wie Kunststoffnetzwerke oder Gewebe, mikroporöse Membranfilter, Filterfliese oder Kombinationen davon eingesetzt werden können. Geeignete Filtermaterialien und geeignete Herstellungsverfahren für derartige Filter sind insbesondere in der WO 00/06702 beschreiben. Besonders bevorzugt werden Filter aus lösungsmittelbeständigem Material verwendet, die beispielsweise aus Kunststoffen, wie Polyethylen, Polypropylen, Polytetrafluorethylen, hochfluorierten Polymeren, Vinylidenfluorid, Aminoplasten und insbesondere Polyester bestehen können.

Zur Auswahl des für die Isolierung bestimmter Krebszellen jeweils geeigneten Siebes bzw.

Filters kann der Fachmann in Vorversuchen mit immer engermaschigen Sieben bzw. Filtern (beispielsweise in der Reihenfolge 200 µm, 115 µm, 74 µm, 51 µm, 38 µm, 30 µm, 27 µm, 20 µm, 17 µm, 15 µm und 10 µm) einzelne Zellfraktionen gewinnen und diese auf deren therapeutische und diagnostische Relevanz untersuchen. Dabei kann es sich auch als vorteilhaft erweisen, Filterkombinationen einzusetzen, d. h. in obigem Beispiel etwa mit einem 115 µm-Filter weniger relevante, größere Aggregate abzufiltrieren und lediglich die auf einem nachgeschalteten 20 µm-Filter gesammelte Krebszellenfraktion zu analysieren.

Die erfindungsgemäße Expressionsanalyse betrifft die Bestimmung von beliebigen Genexpressionsprodukten wie Proteinen oder Nukleinsäuren und hier insbesondere mRNA bzw. die davon ableitbaren Nukleinsäuren wie cDNA. Zur Gewinnung dieser Genexpressionsprodukte, gegebenenfalls im Gemisch mit weiteren Zellbestandteilen kann auf allgemein bekannte Methoden zurückgreifen. Für Nukleinsäuren wird man insbesondere die für den Bereich der Isolierung und Reinigung von Nukleinsäuren bekanntermaßen geeigneten Methoden und Reagenzien, beispielsweise eine Guanidinisothiocyanat und Phenol enthaltenden Lösung, verwenden (vgl. Lottspeich F. und Zorbas H. (Hrsg.) Bioanalytik, Heidelberg; Berlin: Spektrum, Akad. Verl., 1998, insbesondere Kapitel 21). Insbesondere kann man mRNA in Form von Poly A⁺-mRNA mittels oligo-dT-Säulenchromatographie oder entsprechend ausgerüsteter magnetischer Beads isolieren.

b) Quantifizierung des Genexpressionsproduktes

Die zur Quantifizierung des jeweiligen Genexpressionsproduktes verwendbaren Methoden richten sich in erster Linie nach der Art des Genexpressionsproduktes. So kann man im Prinzip sämtliche bekanntermaßen zur Quantifizierung von Proteinen und Nukleinsäuren geeignete Verfahren aus den Bereichen Proteinanalytik und Nukleinsäureanalytik einsetzen. Aus dem Bereich Proteinanalytik können beispielsweise enzymatische Aktivitätstests, immunologische Techniken, bestimmte spektroskopische Verfahren und die

Massenspektrometrie erforderlichenfalls in Kombination mit chromatographischen oder elektrophoretischen Trennmethoden genannt werden. Um einen spezifischen Nachweis der exprimierten Proteine zu gewährleisten, werden vorteilhafterweise immunologische Verfahren zur Anwendung kommen, wie sie beispielsweise in den eingangs geschilderten

5 Arbeiten zur Expression der Gene MNSOD, TXNRD1 und GPX1 beschrieben sind.

Ausgehend von der jeweiligen Aminosäuresequenz ist der Fachmann insbesondere in der Lage, Antikörper herzustellen, die gegen das Protein gerichtet sind. Dazu kann man das gesamte Protein oder Fragmente davon (Polypeptide) als Immunogen verwenden und in an

10 sich bekannter Weise polyklonale und monoklonale Antikörper, und darauf aufbauend mittels rekombinanter Techniken auch humanisierte Antikörper, sowie Fragmenten davon, herstellen.

Diese Antikörper können dann insbesondere in quantitativen Immunoassays und

15 Immunoblot-Techniken, z.B. dem Western-Blotting, Anwendung finden. Geeignet sind sowohl direkte als auch indirekte Assays. Insbesondere sind kompetitive Immunoassays, d.h. das nachzuweisende Protein oder Polypeptid konkurriert als Antigen mit markiertem Antigen um die Antikörperbindung. Bevorzugt sind Sandwich-Immunoassays, d.h. die Bindung spezifischer Antikörper an das Antigen wird mit einem zweiten, meist markierten

20 Antikörper nachgewiesen. Diese Assays können sowohl homogen, d.h. ohne eine Trennung in feste und flüssige Phase, als auch heterogen, d.h. gebundene Markierungen werden von ungebundenen, beispielsweise über festphasengebundene Antikörper, getrennt, ausgelegt sein. Die verschiedenen heterogenen und homogenen Immunoassay-Formate können je nach Markierung und Meßmethode bestimmten Klassen zugeordnet werden, beispielsweise

25 RIAs (Radio-Immunoassays), ELISA (Enzyme Linked ImmunoSorbant Assay), FIA (Fluoreszenz-Immunoassay), LIA (Lumineszenz-Immunoassay), TRFIA (zeitliche aufgelöster FIA), IMAC (Immunaktivierung), EMIT (Enzyme Multiplied Immune Test), TIA (Turbodimetrischer Immunoassay).

Von den massenspektrometrischen Methoden ist insbesondere das sogenannte SELDI-Verfahren zu nennen. Hierbei werden die zu untersuchenden Proteingemische zunächst auf geeigneten Oberflächen, z.B. festen Trägeroberflächen mit Affinität für Proteine, eingefangen, unerwünschte Substanzen erforderlichenfalls von den Oberflächen entfernt, beispielsweise durch Waschen mit geeigneten Flüssigkeiten, und anschließend mittels

35 MALDI-TOF (Laser Desorption/Ionisation Time-Off Flight Mass Analysis) bestimmt.

Ebenso ist der Fachmann in der Lage, Nukleinsäuren, die dieses Protein oder Teile davon codieren, aufzufinden und geeignete Mittel zu deren spezifischen Nachweis zur Verfügung zu stellen.

- 5 So sind aus dem Bereich der Nukleinsäureanalytik insbesondere Methoden zu nennen, die auf einer spezifischen Bindung mit der zu bestimmenden Nukleinsäure beruhen. Hierzu gehören vor allem die spezifische Amplifikation der zu bestimmenden Nukleinsäure oder davon ableitbarer Teile, z.B. die Bestimmung von mRNA mittels quantitativer PCR, und/oder deren spezifische Hybridisierung an gegebenenfalls immobilisierte Sonden (insbesondere
10 mit Hilfe von Nukleinsäure-Arrays, auch Biochips genannt), erforderlichenfalls nach vorheriger spezifischer oder unspezifischer Amplifikation.

- Der erfindungsgemäße Begriff "Mangan-Superoxiddismutase" (kurz MNSOD) bezeichnet Enzyme, welche die Zersetzung von Superoxidradikalen (O_2^-) unter Bildung von
15 Wasserstoffperoxid (H_2O_2) katalysieren. Hierzu gehören insbesondere diejenigen Enzyme, die in der Enzymklasse 1.15.1.1 zusammengefasst werden.

- Aufgrund der unterschiedlichen phylogenetischen Entwicklung ergibt sich eine gewisse Species-abhängige Heterogenität innerhalb dieser Gruppe von Enzymen. Je nach zu
20 untersuchendem Individuum wird sich die Bestimmung auf die jeweilige in dem betreffenden Organismus zu erwartende MNSOD richten. Gemäß einer besonderen Ausführungsform der vorliegenden Erfindung richtet sich die Bestimmung auf MNSODs humanen Ursprungs.

- Zusätzlich zu Spezies-abhängigen Variationen finden sich für jede Spezies in der Regel auch
25 polymorphe Varianten, die aufgrund alleler Variation unterschiedliche Aminosäuresequenzen aufweisen. Derartige Variationen wurden bereits beschrieben (Barra et al. (1984) J. Biol. Chem. 259: 12595-12601; US 5,246,847 (Figur 1A); US 5,260,204 (Anspruch 1); US 5,985,633 (SEQ ID NO: 1); der in Stoehlmacher J et al. (2002) Oncol. Rep. 9: 235-238 beschriebene 9Ala-9Val-Polymorphismus). Auf die in diesen Druckschriften beschriebenen
30 MNSODs wird vollumfänglich Bezug genommen.

Gemäß einer besonderen Ausführungsform der vorliegenden Erfindung richtet sich die Expressionsanalyse auf eine MNSOD mit der Aminosäuresequenz SEQ ID NO:13.

- 35 Weitere nützliche Anweisungen zur erfindungsgemäßen Bestimmung von MNSOD kann der Fachmann auch den in den vorstehend genannten Druckschriften angegebenen Nukleinsäuresequenzen entnehmen. Darüber hinaus finden sich zahlreiche Einträge in

einschlägigen Gendatenbanken zu MNSOD-codierenden Nukleinsäuresequenzen, von denen ausgehend der Fachmann in der Lage ist, geeignete Mittel zum sequenzspezifischen Nachweis dieser Sequenzen bzw. von davon ableitbaren Expressionsprodukten zur Verfügung zu stellen. Insbesondere sind in diesem Zusammenhang aus menschlichem

- 5 Lebergewebe isolierbare MNSOD-mRNA (Accession-Nr. X14322), aus humanem Colonkarzinom isolierbare MNSOD-mRNA (Accession-Nrn. X59445, X15132, Y00985 und M36693), aus menschlichem Placentagewebe isolierbare MNSOD-mRNA (Accession-Nr. X07834), aus einer humanen T-Zell-DNA-Genbank ableitbare cDNA (Accession-Nr. E01408, vgl. auch JP 1987289187-A1) sowie verschiedenen MNSOD-Varianten codierende DNAs und
- 10 RNAs (Accession-Nrn. E03557, E08013 und E08014; vgl. auch JP 1992117288-A1 und JP 1994245763-A1) zu nennen.

Gemäß einer weiteren besonderen Ausführungsform richtet sich der sequenzspezifische Nachweis der MNSOD-Expression auf die Bestimmung einer mRNA bzw. entsprechenden

15 cDNA mit der Sequenz SEQ ID NO:14 oder einer Teilsequenz davon.

Die spezifische Amplifikation dieser Sequenz gelingt beispielsweise mit den Primersequenzen SEQ ID NO:1 und SEQ ID NO:2. Eine geeignete Sonde wird beispielsweise mit SEQ ID NO:3 angegeben. Diese Sonde ist insbesondere für den 5'-

20 Exonuklease-Nachweis unter Verwendung der beiden zuvor genannten Primersequenzen geeignet.

Der erfindungsgemäße Begriff "Thioredoxinreduktase" (kurz TXNRD) bezeichnet Enzyme, welche die NADPH-abhängige Reduktion von Thioredoxin-S₂ zu Thioredoxin-(SH)₂

25 katalysieren. Hierzu gehören insbesondere diejenigen Enzyme, die in der Enzymklasse 1.6.4.5 zusammengefasst werden.

Hinzu kommt, dass die Thioredoxinreduktase-Familie mehrere Thioredoxinreduktase-Isoformen umfasst, von denen neben der Thioredoxinreduktase 1 insbesondere die

30 Thioredoxinreduktasen des Typs 2 (z.B. α oder β), oder 3 zu nennen sind.

Aufgrund der unterschiedlichen phylogenetischen Entwicklung ergibt sich eine gewisse species-abhängige Heterogenität innerhalb dieser Gruppe von Enzymen. Je nach zu untersuchendem Individuum wird sich die Bestimmung auf die jeweilige in dem betreffenden

35 Organismus zu erwartende TXNRD richten. Gemäß einer besonderen Ausführungsform der vorliegenden Erfindung richtet sich die Bestimmung auf TXNRDs humanen Ursprungs.

Zusätzlich zu Spezies-abhängigen Variationen finden sich für jede Spezies in der Regel auch polymorphe Varianten, die aufgrund alleler Variation unterschiedliche Aminosäuresequenzen aufweisen. Auf die in diesen Druckschriften beschriebenen TXNRDs wird vollumfängliche bezug genommen.

5

Gemäß einer besonderen Ausführungsform der vorliegenden Erfindung richtet sich die Expressionsanalyse auf eine TXNRD1 mit der Aminosäuresequenz SEQ ID NO:15.

- Weitere nützliche Anweisungen zur erfindungsgemäßen Bestimmung von TXNRDs kann der Fachmann auch den in den vorstehend genannten Druckschriften angegebenen Nukleinsäuresequenzen entnehmen. Darüber hinaus finden sich zahlreiche Einträge in einschlägigen Gendatenbanken zu TXNRD-codierenden Nukleinsäuresequenzen, von denen ausgehend der Fachmann in der Lage ist, geeignete Mittel zum sequenzspezifischen Nachweis dieser Sequenzen bzw. von davon ableitbaren Expressionsprodukten zur Verfügung zu stellen. Insbesondere sind in diesem Zusammenhang TXNRD-mRNA (Accession-Nrn. AF106697, S79851, und AF201385), aus menschlichem Plazentagewebe isolierbare TXNRD-mRNA (Accession-Nrn. X9124), aus menschlichem Hirngewebe isolierbare TXNRD-mRNA (Accession-Nr. AF208018), aus menschlichen Osteoblasten isolierbare TXNRD-mRNA (Accession-Nr. AJ001050), aus menschlichem großzelligem Lungenkarzinom isolierbare TXNRD1-mRNA (Accession-Nr. BC018122), aus menschlichem Plazentagewebe isolierbare TXNRD2 α -mRNA (Accession-Nr. AB019694) bzw. TXNRD2 β -mRNA (Accession-Nr. AB019695), aus humanem Melanom isolierbare TXNRD β -mRNA (Accession-Nr. BC007489), aus humanem Brustkarzinom isolierbare TXNRD-GRIM-12-mRNA (Accession-Nr. AF077367), TXNRD2-mRNA (Accession-Nr. AF171055) und TXNRD3-mRNA (Accession-Nr. AF133519 und AF171054) zu nennen.

25

30

Gemäß einer weiteren besonderen Ausführungsform richtet sich der sequenzspezifische Nachweis der TXNRD-Expression auf die Bestimmung der TXNRD1-Expression und insbesondere einer mRNA bzw. entsprechenden cDNA mit der Sequenz SEQ ID NO:16 oder einer Teilsequenz davon.

- Die spezifische Amplifikation dieser Sequenz gelingt beispielsweise mit den Primersequenzen SEQ ID NO:4 und SEQ ID NO:5. Eine geeignete Sonde wird beispielsweise mit SEQ ID NO:6 angegeben. Diese Sonde ist insbesondere für den 5'-Exonuklease-Nachweis unter Verwendung der beiden zuvor genannten Primersequenzen geeignet.

35

Der erfindungsgemäße Begriff "Glutathionperoxidase" (kurz GPX) bezeichnet Enzyme, welche – ähnlich den Katalasen - die Zersetzung von Wasserstoffperoxid (H_2O_2) unter Bildung von Wasser und Sauerstoff katalysieren. Hierzu gehören insbesondere diejenigen Enzyme, die in der Enzymklasse 1.11.1.9 zusammengefasst werden.

5

Hinzu kommt, dass die Glutathionperoxidase-Familie mehrere Glutathionperoxidase-Isoformen umfasst, von denen neben der Glutathionperoxidase 1 insbesondere die Glutathionperoxidasen des Typs 2, 3, 4, 5 oder 6 zu nennen sind.

- 10 Aufgrund der unterschiedlichen phylogenetischen Entwicklung ergibt sich eine gewisse species-abhängige Heterogenität innerhalb dieser Gruppe von Enzymen. Je nach zu untersuchendem Individuum wird sich die Bestimmung auf die jeweilige in dem betreffenden Organismus zu erwartende GPX richten. Gemäß einer besonderen Ausführungsform der vorliegenden Erfindung richtet sich die Bestimmung auf GPXs humanen Ursprungs.

15

Zusätzlich zu Spezies-abhängigen Variationen finden sich für jede Spezies in der Regel auch polymorphe Varianten, die aufgrund alleler Variation unterschiedliche Aminosäuresequenzen aufweisen. Derartige Variationen wurden bereits beschrieben; z.B. eine Aminosäuresubstitution Pro-Leu an Position 197 (Forsberg L et al. (1999) Hum. Mutat.

- 20 14(4):294-300). Auf die in diesen Druckschriften beschriebenen GPXs wird vollumfänglich Bezug genommen.

Gemäß einer besonderen Ausführungsform der vorliegenden Erfindung richtet sich die Expressionsanalyse auf eine GPX1 mit der Aminosäuresequenz SEQ ID NO:17.

25

Weitere nützliche Anweisungen zur erfindungsgemäßen Bestimmung von GPX kann der Fachmann auch den in den vorstehend genannten Druckschriften angegebenen Nukleinsäuresequenzen entnehmen. Darüber hinaus finden sich zahlreiche Einträge in einschlägigen Gendatenbanken zu GPX-codierenden Nukleinsäuresequenzen, von denen

30 ausgehend der Fachmann in der Lage ist, geeignete Mittel zum sequenzspezifischen Nachweis dieser Sequenzen bzw. von davon ableitbaren Expressionsprodukten zur Verfügung zu stellen. Insbesondere sind in diesem Zusammenhang humane GPX-mRNA (Accession-Nr. AF217787), Exon 1, 2, und 3 bis 5 humane GPX-DNA (Accession-Nrn. D16360, D16361 bzw. D16362), aus menschlichem Plazenta- und fötalem Lebergewebe

- 35 isolierbare GPX-mRNA (Accession-Nr. D00632), aus menschlichem Lebergewebe isolierbare GPX-mRNA (Accession-Nrn. Y00433 und E02175, vgl. auch JP 1990002362 A1), aus menschlichem Nierengewebe isolierbare GPX-mRNA (Accession-Nr. Y13710, Y00369,

X13709 und X13430), aus menschlichem Leukozyten isolierbare GPX-DNA (Accession-Nr. Y00483), aus menschlichem Myelozytleukämie-Zellen isolierbare GPX1-mRNA (Accession-Nr. M21304), aus menschlichem Colonkarzinom isolierbare GPX2-DNA (Accession-Nr. X91863), aus menschlichem Blasenkarzinom isolierbare GPX2-mRNA (Accession-Nr. BC005277 und BC016756), aus menschlichen Fibroblasten isolierbare GPX2-DNA (Accession-Nr. AF199441), aus menschlichem Plazentagewebe isolierbare GPX3-mRNA (Accession-Nr. X58295), aus menschlichem großzelligem Lungenkarzinom isolierbare GPX3-mRNA (Accession-Nr. BC013601), aus menschlichem Milzgewebe isolierbare GPX3-mRNA (Accession-Nr. BC025956), aus menschlichem Hodengewebe isolierbare GPX4-mRNA (Accession-Nr. X71973), aus menschlichem Melanom isolierbare GPX4-mRNA (Accession-Nr. BC010157) und aus menschlichem Epididymisgewebe isolierbare GPX5-mRNA (Accession-Nr. AJ005277) zu nennen.

Gemäß einer weiteren besonderen Ausführungsform richtet sich der sequenzspezifische Nachweis der GPX-Expression auf die Bestimmung der GPX1-Expression und insbesondere einer mRNA bzw. entsprechenden cDNA mit der Sequenz SEQ ID NO:18 oder einer Teilsequenz davon.

Die spezifische Amplifikation dieser Sequenz gelingt beispielsweise mit den Primersequenzen SEQ ID NO:7 und SEQ ID NO:8. Eine geeignete Sonde wird beispielsweise mit SEQ ID NO:9 angegeben. Diese Sonde ist insbesondere für den 5'-Exonuklease-Nachweis unter Verwendung der beiden zuvor genannten Primersequenzen geeignet.

Der Begriff Amplifikation betrifft die Vervielfältigung von Nukleinsäuren, d.h. die Erzeugung vieler Kopien bestimmter Nukleinsäuren. In der Regel verläuft die Amplifikation wenigstens linear und vorzugsweise exponentiell.

Brauchbar sind die bekannten Amplifikationsverfahren, zu denen die Polymerase-Kettenreaktion (PCR), prinzipiell auch als Nested-PCR, Asymmetrische PCR oder Multiplex-PCR durchgeführt, oder alternative Verfahren, wie die Ligase-Kettenreaktion (LCR), Nukleinsäuresequenz-basierende Amplifikation (NASBA), Transkriptions-vermittelte Amplifikation (TMA) und ähnliche, gehören. Bestimmte Versionen dieser Techniken und/oder Kombinationen mit anderen molekularbiologischen Methoden können zweckmäßig sein.

Vorzugsweise führt man die Amplifikation in Anlehnung an PCR-Techniken durch. Dazu verwendet man in der Regel wenigstens zwei Primer unterschiedlicher Polarität (d.h.

wenigstens ein Primerpaar aus einem forward-Primer und einem reverse-Primer) pro Templat.

5 Gemäß einer besonderen Ausführungsform der vorliegenden Erfindung verwendet man ein Paar spezifischer Primer pro zu bestimmender Nukleinsäuresequenz. Weiterhin ist auch die Möglichkeit gegeben, die gesamte RNA einer Probe zu amplifizieren (vgl. z.B. Zohlnhöfer D. et al. Circulation 103, 1396–1402, 2001) und anschließend bestimmte RNAs als entsprechende cDNAs durch spezifische Hybridisierung zu bestimmen.

10 Gemäß einer besonderen Ausführungsform der vorliegenden Erfindung verwendet man zur Amplifikation wenigstens einen Primer, der markiert ist. Die Markierung dient zum Nachweis eines Amplifikats, in das der markierte Primer im Zuge der Amplifikation eingebaut wurde.

Dem Fachmann ist eine Vielzahl geeigneter Markierungen samt dazugehöriger
15 Detektionssysteme bekannt. Fluoreszierende und chemi- oder biolumineszierende Markierungen werden aus Gründen der Sensitivität und praktischen Handhabung bevorzugt.

Prinzipiell geeignet sind Markierungssysteme, die sich z.B. spektroskopisch, photochemisch, biochemisch, immunochemisch, elektrisch, optisch oder chemisch erkennen lassen. Dazu
20 gehören sowohl direkte Markierungssysteme, wie radioaktive Marker (z.B. ^{32}P , ^3H , ^{125}I , ^{35}S , ^{14}C), magnetische Marker, Chromophore, beispielsweise UV-, VIS-, oder IR-absorbierende Verbindungen, Fluorophore, chemi- oder biolumineszierende Marker, Übergangsmetalle, die in der Regel chelatgebunden sind, oder Enzyme, z.B. Meerrettich-Peroxidase oder alkalische Phosphatase und die daran gekoppelten Nachweisreaktionen, als auch indirekte
25 Markierungssysteme, beispielsweise Haptene, wie Biotin oder Digoxigenin, die über entsprechende Nachweissysteme erkannt werden können.

Vorteilhafte Chromophore besitzen eine intensive Farbe, die von den umgebenden Molekülen nur geringfügig absorbiert wird. Farbstoffklassen, wie Chinoline, Triarylmethane,
30 Acridine, Alizarine, Phthaleine, Azoverbindungen, Anthrachinone, Cyanine, Phenazathioniumverbindungen oder Phenazoniumverbindungen, seien hier stellvertretend für das breite Spektrum erfindungsgemäß geeigneter Chromophore genannt.

Fluoreszierende Markierungen sind von Vorteil. Man erhält starke Signale mit wenig
35 Hintergrund, hoher Auflösung und hoher Sensitivität. Erfindungsgemäß von Bedeutung ist, daß ein und derselbe Fluorophor je nach Anregung und Detektionsprinzip mehrere unterscheidbare Strahlungen emittieren kann.

Fluorophore können allein oder in Kombination mit einem Quencher (z.B. Molecular Beacons) verwendet werden.

- 5 Bevorzugte Fluorophore sind beispielsweise Aminomethylcoumarinessigsäure (AMCA, blau), EDANS, BODIPY 493/503; FL; FL Br2; R6G; 530/550; 558/568; TMR 542/574; TR 589/617; 630/650; 650/665, 6-FAM Fluorescein (grün), 6-OREGON green 488, TET, Cy3 (rot), Rhodamine (rot), 6-JOE, VIC, HEX, 5-TAMRA, NED, 6-ROX, TEXAS Red7 (rot), Cy5, Cy5.5, LaJolla Blue, Cy7, Alexa-Fluor-Carbonsäuren, insbesondere des Typs 647 und 532, z.B. als Succinimidylester, und IRD41.

Besonders bevorzugte Fluorophore sind Cy5, 5-Tamra und Cy3 sowie Alexa-Fluor-Carbonsäuren.

- 15 Chemilumineszierende oder biolumineszierende Markierungen sind ebenfalls von Vorteil. Bevorzugte Markierungen dieser Art basieren beispielsweise auf Reaktionen der Alkalischen Phosphatase mit Dioxetan-(AMPPD) oder Acridiniumphosphat-Substraten; der Meerrettichperoxidase mit Luminol- oder Acridiniumester-Substraten; von Mikroperoxidasen oder Metallporphyrinsystemen mit Luminol; der Glucoseoxidase, der Glucose-6-phosphatdehydrogenase; oder auch Luciferin/Luciferase-Systemen.

- Eine Markierung kann im Prinzip auf beliebige Art und Weise in ein nachzuweisendes Amplifikat eingeführt werden, solange sie den Nachweis desselben erlaubt. Grundsätzlich kann man zwischen einer direkten und indirekten Markierung unterscheiden. Bei der direkten Markierung wird die nachweisbare Markierung selbst im Zuge der Amplifikation eingebaut. Bei der indirekten Markierung wird zunächst ein primäres Label eingebaut, welches eine gewisse Affinität für die anschließend zuzugebende nachweisbare Markierung besitzt. Letztere Vorgehensweise ist immer dann von Vorteil, wenn die zu verwendende Markierung den Verlauf der Amplifikation beeinflussen könnte. Insbesondere im Fall von chemi- oder biolumineszierenden Markierungen ist die indirekte Vorgehensweise bevorzugt. Erfindungsgemäß haben sich vor allem Biotin/Streptavidin-Systeme als zweckmäßig erwiesen. Demnach sind die erfindungsgemäß zu verwendenden markierten Primer gemäß einer besonderen Ausführungsform der vorliegenden Erfindung mit Biotin oder Digoxigenin, vorzugsweise am 5'-Ende, markiert.

- 35 Werden erfindungsgemäß mindestens zwei verschiedene Nukleinsäuren bestimmt, so ist es in der Regel von Vorteil, eine sogenannte Multiplex-Amplifikation, also insbesondere

Multiplex-PCR, durchzuführen. Dabei sollen mindestens zwei verschiedene Nukleinsäuren der spezifischen Amplifikation unterworfen werden, wobei dies in einem gemeinsamen Ansatz stattfindet. Insbesondere werden bei der Multiplex-PCR mit Hilfe von wenigstens zwei jeweils spezifischen Primerpaaren ebenso viele verschiedene Amplifikate generiert, sofern
5 die entsprechenden Template zugegen sind. Dabei können die Primer bzw. die Primerpaare obigen Ausführungen entsprechend ausgestaltet werden. Insbesondere ist es erfindungsgemäß bevorzugt, sämtliche Primer bzw. Primerpaare in gleicher Weise auszugestalten, so dass die generierten Amplifikate allesamt in den nachfolgenden Verfahrensschritten in analoger Weise behandelt werden können. Insbesondere ist es von
10 Vorteil, die Amplifikate in einem gemeinsam Verfahrensschritt detektieren zu können.

Darüber hinaus kann ein solcher Multiplex-Ansatz weitere Amplifikationssysteme mit einbeziehen, die insbesondere einer Kontrolle dienen können. So kann es insbesondere erwünscht sein, Normalisierungs-, Mismatch-, Housekeeping-, Probenzubereitungs-,
15 Hybridisierungs- oder Amplifikationskontrollen mit einzubeziehen.

Insbesondere ist es erfindungsgemäß bevorzugt, die von den betreffenden Genen transkribierte mRNA zu bestimmen. Dabei kann es sich um bereits gespleißte oder noch nicht gespleißte mRNA handeln. Vorteilhafterweise ist die Bestimmung auf gespleißte mRNA
20 gerichtet.

In der Regel wird nicht die mRNA direkt nachgewiesen, sondern davon ableitbare Nukleinsäuren. Dies gilt insbesondere für den Fall, dass der Nachweis eine Amplifikation mittels PCR beinhaltet. Dazu wird die mRNA üblicherweise zunächst in DNA umgeschrieben.
25 Dies gelingt beispielsweise mittels Reverser Transkription, wobei die zur mRNA komplementäre DNA (cDNA) erzeugt wird. Geeignete Vorgehensweisen zur Erzeugung von cDNA aus mRNA sind geläufiges Fachwissen.

Die resultierende cDNA als Maß für die vorhandene Menge an entsprechender mRNA kann
30 anschließend mittels PCR quantifiziert werden. Auch hier sind dem Fachmann geeignete Methoden bekannt (siehe beispielsweise das Kapitel 24.2.5 in Lottspeich F. und Zorbas H. (Hrsg.) Bioanalytik, Heidelberg; Berlin: Spektrum, Akad. Verl., 1998, insbesondere Kapitel 21). Als besonders effektiv hat sich in diesem Zusammenhang die unter dem Fachbegriff "5'-Exonuklease-Assay" bekannte Technik erwiesen. Hierbei verwendet man eine markierte
35 Sonde, die sich zwischen den beiden Primern an die nachzuweisende Nukleinsäuresequenz (Templat) anlagert und im Zuge der Primerextension durch die 5'-3'-Exonukleaseaktivität der verwendeten Polymerase abgebaut wird. Durch den Abbau wird ein Signal generiert. Die

Detektion dieses Signals kann als Maß der fortschreitenden Amplifikation gewertet werden, da die Stärke des Signals proportional ist zu der Anzahl generierter Amplifikate und der zeitabhängige Signalverlauf darüber hinaus Rückschlüsse auf die Menge an Templat zuläßt. Diese Art von Essay befindet sich unter der Bezeichnung "TaqMan®" im Handel.

5

Eine weitere Möglichkeit, Nukleinsäuren nachzuweisen, bieten Techniken, die auf einer spezifischen Hybridisierung beruhen. Diese Techniken können prinzipiell auf die in der Probe vorhandenen Nukleinsäuren und davon ableitbare Nukleinsäuren angewendet werden, wobei die Nukleinsäuren bzw. die davon ableitbaren Nukleinsäuren zuvor einer Amplifikation unterworfen werden können oder nicht.

10

Dem Fachmann sind prinzipiell eine Vielzahl von verschiedenen Hybridisierungsformaten bekannt. Erfindungsgemäß bevorzugt ist die Verwendung von Sonden zum sequenzspezifischen Nukleinsäurenachweis. Dazu geht man in der Regel folgendermaßen vor.

15

Fällt die nachzuweisende Nukleinsäure in doppelsträngiger Form an, sollte sie zuvor in eine einzelsträngige Form überführt werden. Geeignete Maßnahmen sind dem Fachmann hinlänglich bekannt. So können doppelsträngige Nukleinsäure wie sie beispielsweise durch eine PCR erzeugt werden, denaturierenden Bedingungen unterworfen werden, wie erhöhter Temperatur, hoher Ionenstärke und/oder alkalischem pH-Wert.

20

Zur Hybridisierung lässt man die Hybridisierungskomponenten unter Bedingungen, die eine Duplex-Bildung zwischen nachzuweisender Nukleinsäuresequenz und dazu komplementärer Sonde zulassen, aufeinander einwirken. Beispielsweise bringt man die immobilisierte Sonde in Kontakt mit einem Hybridisierungsgemisch, welches die Nukleinsäure oder eine davon ableitbare Nukleinsäure, und gegebenenfalls weitere übliche Zusätze umfaßt. Es versteht sich, daß Teile des Gemisches zunächst getrennt voneinander mit der Sonde in Kontakt gebracht werden können. Die Hybridisierungsbedingungen werden zweckmäßigerweise so gewählt, daß Sonde und dazu komplementäres Target stabile Hybride bilden können. In der Regel werden zunächst Bedingungen relativ niedriger Stringenz gewählt, z.B. Temperaturen von etwa 20 – 50°C sowie Ionenstärken von etwa 6 x SSPE oder niedriger. Anschließend kann dann bei ähnlicher oder höherer Stringenz, z.B. etwa 2 x SSPE bis etwa 0,1 x SSPE bei etwa 30 – 50°C gewaschen werden. Ferner kann auf bekannte Agenzien, z.B.

25

30

35

Detergenzien, Blockreagenzien, denaturierende Agenzien, die Renaturierung beschleunigende Agenzien und T_m-egalisierende Agenzien zurückgegriffen werden. Die Optimierung des Hybridisierungsprotokolls ist Sache des Fachmanns.

Vorzugsweise verwendet man zur Hybridisierung immobilisierte Sonden. Hierzu sind die Sonden an einen Träger gekoppelt, beispielsweise über kovalente, adsorptive oder über physikalisch/chemische Wechselwirkungen von Sonde und Oberfläche. Geeignete Methoden zur Erzielung einer zweckmäßigen Kopplung sind dem Fachmann bekannt. Dabei kann die zuvor bereitgestellte Sonde an die Oberfläche gekoppelt werden oder es kann die Sonde in-situ an der Oberfläche synthetisiert werden, z.B. mittels photolithographischer Verfahren. Die Kopplung über photoaktive Gruppen, beispielsweise bestimmte Anthrachinone, und erforderlichenfalls einen Spacer geeigneter Länge und Konstitution, beispielsweise Polyethylenglykol mit $n = 2-10$ und vorzugsweise von etwa 6 bei 8-60meren, an eine reaktive Oberfläche, stellt eine bevorzugte Ausführungsform dar. Arrays immobilisierter Sonden sind als handliches und leistungsstarkes Format besonders bevorzugt. Auf die diesbezüglichen Ausführungen in WO 02/18634 wird vollumfänglich Bezug genommen.

Der sequenzspezifische Nachweis basiert in der Regel auf der Bestimmung, ob Sonde und Nukleinsäure einen Duplex bilden, d.h. miteinander hybridisieren. Somit beinhaltet der erfindungsgemäße Nachweis, ob eine bestimmte Target-Sequenz vorhanden ist oder nicht (Anwesenheit oder Abwesenheit). Die Feststellung soll in Bezug auf die Expressionsprodukte der Gene MNSOD, TXNRD und GPX quantitativ erfolgen.

20

In der Regel erfordert der Nachweis eine Quantifizierung derjenigen Nukleinsäuren, die an eine immobilisierte Sonde hybridisieren. Die Quantifizierung kann absolut oder relativ erfolgen. Geeignete Detektionssysteme sind dem Fachmann hinlänglich bekannt. Eine vielfach genutzte Möglichkeit besteht in der Einführung von Markierungen, z.B. radioaktiver, colorimetrischer, fluoreszierender oder lumineszierender Art. Diese werden erfindungsgemäß bevorzugt im Zuge einer der Hybridisierung vorgeschalteten Amplifikation - wie bereits oben erläutert - eingeführt, oder bei indirekten Markierungen nach Einführung eines primären Labels wie Biotin oder Digoxigenin (DIG) durch Zugabe von entsprechenden Markern wie Fluoreszenz-markiertem oder POD-markiertem Streptavidin bzw. anti-DIG sowie, im Falle von Chemi- oder Biolumineszenz, üblicherweise durch Zugabe von Enzymsubstratlösungen oder, wenn Substratmoleküle wie Luminol als Marker verwendet werden, von Enzymlösungen, nachgewiesen.

Aus der Vielzahl geeigneter Detektionssysteme kann der Fachmann insbesondere die in WO 02/08458 beschriebenen photoelektrischen Fächensensoren, insbesondere CCD-Cameras oder die in DE 100 38 080 beschriebenen Fluoreszenzscanner wählen.

c) Auswertung

Mit den zuvor beschriebenen Messmethoden gelingt es, jeder untersuchten Probe einen bestimmten Wert zuzuordnen, der die Expression des untersuchten Gens kennzeichnet.

- 5 Erfindungsgemäß von besonderer Bedeutung ist die Feststellung, ob die Expression in Zellen der untersuchten Probe vergleichsweise erhöht ist, da eine erhöhte MNSOD-, TXNRD- und GPX-Expression krebsrelevant ist. Daher beinhaltet die erfindungsgemäße Auswertung in der Regel einen Vergleich mit Zellen, in denen keine mit Krebs in Zusammenhang stehende Modifikation zu erwarten ist (Nichtkrebszellen, Normalzellen). Ist
- 10 die erfindungsgemäße Untersuchung beispielsweise auf Krebszellen in Körperflüssigkeiten gerichtet, wird man als Vergleich Zellen wählen, die in dieser Körperflüssigkeit üblicherweise vorkommen. Im Falle von Blut sind dies insbesondere Zellen des weißen Blutbildes, die man beispielsweise mit Dichtegradienten-Zentrifugation gewinnen (z.B. den Buffy-Coat; die MNC-Fraktion) oder über spezifischere Isolationsverfahren abtrennen kann (z.B. CD45-positive
- 15 Lymphozyten). Diese Zellen des weißen Blutbildes können prinzipiell auch als Vergleichszellen bzw. Vergleichszellgemische bei der Untersuchung anderer Körperflüssigkeiten als Blut dienen. Eine weitere Möglichkeit besteht darin, zumindest eine zellhaltige Fraktion der Probe, insbesondere der Körperflüssigkeit, durch Maßnahmen zur Anreicherung von Krebszellen in wenigstens zwei Teilfraktionen aufzutrennen, von denen die
- 20 eine, gegebenenfalls an Krebszellen angereicherte Fraktion als Testzellgemisch, und die andere, gegebenenfalls an Krebszellen abgereicherte Fraktion als Vergleichszellgemisch verwendet werden kann.

- Wird die erfindungsgemäße Untersuchung an Zellgemischen durchgeführt, so ist es nicht
- 25 erforderlich, dass diese Gemische ausschließlich Krebszellen bzw. ausschließlich Nichtkrebszellen beinhalten. Von Bedeutung ist vielmehr das Verhältnis der Zelltypen in den Gemischen zueinander. Für das erfindungsgemäße Verfahren ist es bereits ausreichend, wenn der aufgrund der Maßnahmen zur Gewinnung der Gemische zu erwartende Krebszellanteil in dem Testzellgemisch signifikant höher liegt als in dem
- 30 Vergleichszellgemisch. So kann das Vergleichszellgemisch durchaus Krebszellanteile aufweisen, sofern der Krebszellanteil im Testzellgemisch hinreichend höher ist. Dies kann beispielsweise dadurch gewährleistet sein, dass das Testzellgemisch aus dem Vergleichszellgemisch durch Maßnahmen zur Anreicherung von Krebszellen gewonnen wird.

- 35 Gemäß einer bevorzugten Ausführungsform der vorliegenden Erfindung gewinnt man daher unter Anreicherung von Krebszellen eine erste zellhaltige Fraktion aus der biologischen Probe und bestimmt die Expression der Gene in der zellhaltigen Fraktion, stellt eine weitere

zellhaltige Fraktion der biologischen Probe oder einer vergleichbaren biologischen Probe bereit und die bestimmt Expression der Gene in der weiteren zellhaltigen Fraktion, und vergleicht für jedes Gen dessen Expression in der zellhaltigen Fraktion mit dessen

Expression in der weiteren zellhaltigen Fraktion. Von Vorteil ist, wenn die vergleichbare

- 5 biologische Probe aus dem Individuum stammt, dessen biologische Probe auf Krebszellen untersucht wird, d.h. ein Vergleich mit patienteneigenen Nichtkrebszellen vorgenommen wird. Dies ist insbesondere dann von Bedeutung, wenn der betreffende Patient bereits therapeutische Maßnahmen erhalten hat, die sich auf Phäno- und Genotyp seiner Zellen auswirken.

10

Das erfindungsgemäße Testprinzip basiert daher auf der Feststellung, ob eine Anreicherung von Krebszellen mit einem messbaren Anstieg der MNSOD-, TXNRD- und GPX-Expression verbunden ist. Maßgeblich ist daher das Verhältnis der im Testzellgemisch gemessenen Expression zur im Vergleichszellgemisch gemessenen Expression.

15

Zweckmäßigerweise wird man zur Validierung eines bestimmten Testsystems in der Regel einen bestimmten Quotienten (Grenzwert) festlegen, ab dem definitionsgemäß eine Überexpression vorliegt.

20

Dieser Grenzwert kann von den verwendeten Zellgemischen und insbesondere von deren Gewinnung abhängen. So ist es zweckmäßig, eine bestimmte Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens zunächst an gesunden, d.h. nicht an Krebs erkrankten Individuen durchzuführen und mit Hilfe statistischer Methoden einen geeigneten Grenzwert für die verwendete Ausführungsform des Verfahrens festzusetzen. So kann man unter

25

Berücksichtigung statistischer Signifikanz das Verfahren an einem hinreichend großen Kollektiv von Individuen durchführen, aus den gemessenen Expressionsverhältnissen den Mittelwert bilden und den Grenzwert unter Berücksichtigung des Mittelwerts und der dazugehörigen Standardabweichung festlegen. Ein auf diese Art und Weise ermittelter Grenzwert berücksichtigt beispielsweise auch diejenigen Fälle, in denen das Testzellgemisch

30

im Vergleich zum Vergleichszellgemisch eine verstärkte Expression des gemessenen Parameters zeigt, obwohl auch das Testzellgemisch keine Krebszellen enthält. Derartige Fälle können insbesondere dann auftreten, wenn das eigentlich zur Anreicherung von Krebszellen gewählte Verfahren zur Anreicherung von Nichtkrebszellen führt, die ebenfalls eine verstärkte Expression des gemessenen Parameters zeigen. Dieser Fall konnte

35

beispielsweise im Hinblick auf die GPX1-Expression beobachtet werden, wenn man die Zellen des weißen Blutbildes einem größen- und gestaltabhängigen Trennvorgang unterwarf.

Darüber hinaus ist es in der Regel zweckmäßig, die an den Testzellgemischen bzw. Vergleichszellgemischen gemessenen Werte auf einen Standard zu beziehen. Ein solcher Standard lässt sich beispielsweise mit Hilfe von Zelllinien erstellen, die eine hinreichend starke Expression des zu bestimmenden Genexpressionsproduktes zeigen (Positivkontrolle).

- 5 Beispielsweise eignen sich die Mammakarzinom-Zelllinie EFM 192 als Positivkontrolle für die Bestimmung der MNSOD- und GPX1-Expression, und die Mammakarzinom-Zelllinie MES-SA/Dx5 beispielsweise als Positivkontrolle für die TXNRD1-Expression. Weitere geeignete Referenzzelllinien sind entweder bekannt oder können mit dem erfindungsgemäßen Verfahren etabliert werden, wie z.B. die Mammakarzinom-Zelllinie BT474.

10

Die erfindungsgemäße Untersuchung auf Krebszellen beinhaltet insbesondere deren Identifizierung und/oder deren Charakterisierung.

- 15 Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist daher die Verwendung des erfindungsgemäßen Verfahrens zur Identifizierung von Krebszellen, insbesondere in der Tumorfriherkennung. Damit verbunden ist insbesondere die analytische Feststellung, ob die untersuchte Probe Krebszellen aufweist, bzw. die diagnostische Feststellung, ob das Individuum, dessen Probe untersucht wurde, an Krebs erkrankt ist. Eine erhöhte Expression wenigstens eines MNSOD-Gens in Kombination mit einer erhöhten Expression wenigstens eines TXNRD-Gens und/oder wenigstens eines TGTPX-Gens, und insbesondere eine erhöhte Expression wenigstens eines MNSOD-Gens in Kombination mit einer erhöhten Expression wenigstens eines TXNRD-Gens in Kombination mit einer erhöhten Expression wenigstens eines GTPX-Gens ist ein als Hinweis auf das Vorliegen von Krebszellen in der untersuchten Proben zu werten.

25

Hierzu gehören insbesondere der Nachweis von Tumorzellen aus Sputum/Speichel, vor allem zur Früherkennung von Lungentumoren; aus Urin, vor allem zur Früherkennung von Prostata- und Blasentumoren; aus Stuhl, vor allem zur Früherkennung von Colon- und Pankreastumoren; aus Blut/Knochenmark/Lymphhe, vor allem zur Früherkennung von allen streuenden Tumoren.

30

- Ein Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist auch die Verwendung des erfindungsgemäßen Verfahrens zur Charakterisierung von Krebszellen, z.B. zur Klassifizierung von Tumoren und zur Risikoabschätzung für den Patienten. Damit verbunden sind prognostische Feststellungen über den zukünftigen Verlauf einer Krebserkrankung, wie die Wahrscheinlichkeit (Risiko), eine Metastase oder ein Rezidiv zu entwickeln bzw. eine bestimmte Zeit zu überleben, und therapeutische Feststellungen über die Wirksamkeit einer

35

angewendeten Therapie (Therapie-Monitoring) oder Feststellungen zur Therapiewahl. Eine erhöhte Expression wenigstens eines MNSOD-Gens in Kombination mit einer erhöhten Expression wenigstens eines TXNRD-Gens und/oder wenigstens eines TGPX-Gens, und insbesondere eine erhöhte Expression wenigstens eines MNSOD-Gens in Kombination mit einer erhöhten Expression wenigstens eines TXNRD-Gens in Kombination mit einer erhöhten Expression wenigstens eines GTPX-Gens ist mit einem erhöhten Risiko, eine Metastase oder ein Rezidiv zu entwickeln bzw. mit einer verringerten Wahrscheinlichkeit, eine bestimmte Zeit zu überleben, verbunden. Um die Wirksamkeit einer angewendeten Therapie (Therapie-Monitoring) zu beurteilen, wird das erfindungsgemäße Verfahren zumindest an zwei verschiedenen Zeitpunkten, d.h. vor und nach einer bestimmten therapeutischen Maßnahme, durchgeführt. Durch einen Vergleich der vor und nach der Maßnahme bestimmten Expression lässt sich feststellen, ob die therapeutische Maßnahme zu einer Veränderung der Anzahl der in der Probe mit dem erfindungsgemäßen Verfahren identifizierbaren Krebszellen geführt hat. Eine Abnahme ist ein Hinweis auf die Wirksamkeit der therapeutischen Maßnahme. Es lassen sich auf diese Art insbesondere solche therapeutische Maßnahmen beurteilen, die eine Verringerung oder Eliminierung disseminierter Krebszellen bewirken sollen.

Gemäß einer besonderen Ausführungsform ist das erfindungsgemäße Verfahren Teil einer Multiparameter-Untersuchung, die zusätzlich zu den drei erfindungsgemäßen Genexpressionsanalysen die Untersuchung weiterer Parameter mit einbezieht. Im Prinzip sollten so viele Parameter wie möglich untersucht werden, so dass eine Beschränkung in der Regel lediglich aus Gründen der Zweckmäßigkeit und Praktikabilität erfolgt. In der Regel werden im Rahmen solcher Multiparameter-Untersuchungen bis zu 10000, insbesondere bis zu 1000, vorzugsweise bis zu 100, besonders bevorzugt bis zu 75, 50 oder 25 und insbesondere bis zu 10 Parameter untersucht.

Der Begriff "Parameter" bezeichnet in diesem Zusammenhang jedwede biochemische oder molekularbiologische Eigenart von Krebszellen und insbesondere von disseminierten Krebszellen. Hierzu gehören sowohl therapeutische als auch diagnostische, insbesondere prognostische Parameter. Genomische Parameter, z.B. mit Ausprägung auf DNA-Ebene zählen genauso dazu wie Parameter aus dem Expressionsbereich, z.B. solche mit Ausprägung auf RNA-, insbesondere mRNA- oder Proteinebene. Beispielsweise können Mutationen, Insertionen, Deletionen, LOHs, Amplifikationen, Aberrationen im Chromosomensatz und dgl.; die Expression von Splice-Varianten; sowie die Über- und Unterexpression bestimmter mRNAs bzw. Proteine - und weitere ungewöhnliche,

insbesondere krebsspezifische Veränderungen bestimmter Zellbestandteile als Parameter dienen.

5 Bevorzugt werden Parameter, die qualitative Eigenarten des DNA- und/oder RNA-Apparates betreffen. Vor allem sind hier Parameter zu nennen, die Zelleigenschaften wie die Zellteilung, das Zellwachstum, Zell-Zell-Interaktionen, Inhibition der Tumorsuppression und Therapieresistenzen betreffen und insbesondere onkogen beeinflussen und damit das klinische Bild einer Krebserkrankung mitbestimmen. Parameter aus dem Bereich der DNA-Rekombination, DNA-Amplifikation, DNA-Reparatur, Zellzyklusinduktoren und

10 Apoptoseinhibitoren zählen insbesondere dazu.

Beispielhaft seien genannt:

-- vor allem Onkogene bzw. Tumorsuppressorgene, wie p53, Gene der ras-Familie, erb-
15 B2, c-myc, mdm2, c-fos, DPC4, FAP, nm23, RET, WT1 u.ä., LOH's, beispielsweise im Hinblick auf p53, DCC, APC, Rb u.ä. sowie BRCA1 und BRCA2 bei hereditären Tumoren, Mikrosatelliten-Instabilität von MSH2, MLH1, WT1 u.ä.; auch tumoröse RNA's, wie CEA, Cytokeratine, z.B. CK20, BCL-2, MUC1, insbesondere tumorspezifische Splice-Varianten hiervon, MAGE3, Muc18, Tyrosinase, PSA, PSM, BA46, Mage-1 u.ä., oder ferner

20 morphogene RNA's, wie Maspin, HCG, GIP, Motilin, hTG, SCCA-1, AR, ÖR, PR, verschiedene Hormone u.ä., betreffen;

-- weiterhin vor allem RNA's und Proteine, die das Metastasierungsprofil, d.h. die Expression von Angiogenese-, Motilitäts-, Adhäsions- und Matrixdegradationsmolekülen, wie
25 bFGF, bFGF-R, VEGF, VEGF-R's, wie VEGF-R1 oder VEGF-R2, E-Cadherin, Integrine, Selectine, MMP's, TIMP's, SF, SF-R u.ä., das Zellzyklus- bzw. Proliferationsprofil, wie Cycline (z.B. das Expressionsverhältnis von Cyclin D, E und B), Ki67, P120, p21, PCNA u.ä., oder das Apoptose-Profil, wie FAS (L+R), TNF (L+R), Perforin, Granzyme B, BAX, bcl-2, Caspase 3 u.ä., betreffen.

30

Diese und weitere Parameter werden in der WO 99/10528, der WO 00/06702 sowie in Giesing M. et al., The International Journal of Biological Markers Bd. 15(1), 94-99, 1999 beschrieben und erläutert. Auf diese Ausführungen wird in vollem Umfang Bezug genommen, womit sie Teil dieser Beschreibung sind.

35

Auch betrifft die vorliegende Erfindung Analysekits zur Durchführung des erfindungsgemäßen Verfahrens. Diese enthalten in der Regel

- i) wenigstens ein Mittel zur Bestimmung der MNSOD-Genexpression, insbesondere spezifische Antikörper oder vorzugsweise sequenzspezifische Primer und/oder Sonden, wie die oben beschriebenen, z.B. Primer mit den Sequenzen SEQ ID NO:1 und/oder SEQ ID NO:2 bzw. Sonden mit der Sequenz SEQ ID NO:3;
- 5 ii) wenigstens ein Mittel zur Bestimmung der TXNRD1-Genexpression, insbesondere spezifische Antikörper oder vorzugsweise sequenzspezifische Primer und/oder Sonden, wie die oben beschriebenen, z.B. Primer mit den Sequenzen SEQ ID NO:4 und/oder SEQ ID NO:5 bzw. Sonden mit der Sequenz SEQ ID NO:6; und/oder
- 10 iii) wenigstens ein Mittel zur Bestimmung der GPX1-Genexpression, insbesondere spezifische Antikörper oder vorzugsweise sequenzspezifische Primer und/oder Sonden, wie die oben beschriebenen, z.B. Primer mit den Sequenzen SEQ ID NO:7 und/oder SEQ ID NO:8 bzw. Sonden mit der Sequenz SEQ ID NO:9; sowie gegebenenfalls
- iv) weitere übliche Mittel zur Durchführung des erfindungsgemäßen Verfahrens.
- 15 Weitere besondere Ausführungsformen erfindungsgemäßer Kits ergeben sich aus den Ausführungen zum Verfahren selbst.

- Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung betrifft ein Verfahren zum Testen und/oder zur funktionellen Validierung von Wirkstoffen. Dazu läßt man den Wirkstoff in der
- 20 Regel ex vivo auf disseminierte Krebszellen, die durch eine erhöhte Expression der Gene MNSOD, TXNRD1 und/oder GPX1 gekennzeichnet sind, einwirken und bestimmt deren Reaktion, insbesondere die nach der Einwirkung des Wirkstoffs resultierende Expression der Gene MNSOD, TXNRD1 und/oder GPX1. Zur Kontrolle können die Verfahrensmaßnahmen in entsprechender Weise an Zellen vorgenommen werden, deren Expression der Gene
- 25 MNSOD, TXNRD1 und/oder GPX1 nicht erhöht ist. Es kann in der Regel auf an sich bekannte zellbiologische Testsysteme zurückgegriffen werden. Erforderlichenfalls können disseminierte Krebszellen in Kultur gehalten und geeignete Bioassays durchgeführt werden. Beispielsweise kann man so bekannte Wirkstoffe mit antineoplastischer Wirkung und/oder zur adjuvanten Therapie eingesetzte Wirkstoffe testen. Insbesondere können
- 30 targetbezogene Wirkstoffe getestet werden. Erfindungsgemäß kann es sich bei diesen Targets insbesondere um die Gene MNSOD, TXNRD1 und/oder GPX1 bzw. deren Expressionsprodukte handeln. Es sind aber auch andere Targets denkbar, die in einem funktionellen Zusammenhang mit besagten Genen bzw. deren Expressionsprodukten stehen und daher in Bezug auf die MNSOD-, TXNRD1- und/oder GPX1-Genexpression validiert
- 35 werden können. Dies ist ein wichtiger Aspekt der Wirkstoffentwicklung, wonach potentielle Wirkstoffe targetbezogen - beispielsweise im Rahmen von Screening-Verfahren - ausgewählt und anschließend validiert werden können.

Zweck dieses Verfahrens zur funktionellen Validierung von Wirkstoffen ist es, wirkstoffabhängige, molekulare und/oder morphologische Veränderungen an den disseminierten Krebszellen festzustellen. Ergibt die Bestimmung eines oder mehrerer

- 5 Parameter an den disseminierten Krebszellen einen Zustand, der nach Einwirken des Wirkstoffs von dem Zustand abweicht, der vor Einwirken des Wirkstoffs bestand, ist das Target bezüglich des Wirkstoffs bzw. der Wirkstoff bezüglich des Targets erfindungsgemäß funktionell validiert. Die funktionelle Validierung erfasst insbesondere einen funktionellen Zusammenhang zwischen Wirkstoff und Target in disseminierten Krebszellen.

10

Gegebenenfalls kann die erfindungsgemäße funktionelle Validierung an disseminierten Krebszellen auf einer funktionellen Prävalidierung des Targets an anderen Zellsystemen aufbauen. Beispielsweise können Targets in an sich bekannter Weise kloniert und exprimiert werden. Dem Fachmann stehen hierzu geeignete Zellsysteme, insbesondere humane

15 Zelllinien zur Verfügung, die entsprechend transfiziert werden können. Derartige target-aufweisende Zellsysteme können in der bereits oben beschriebenen Art und Weise mit einem oder mehreren Wirkstoffen in Kontakt gebracht werden. Auch dieses Verfahren dient zur Etablierung eines molekularen und/oder morphologischen Wirk-Algorithmus, der wiederum erfindungsgemäß an disseminierten Krebszellen validiert werden kann.

20

Dieses Verfahren bietet eine vorteilhafte Grundlage für die Entwicklung und Testung targetbezogener Wirkstoffe. Die Ausrichtung auf klinisch und funktionell einheitlich an disseminierten Krebszellen validierte Targets gestattet eine Wirkstoffentwicklung unter Einbezug pharmako- und toxikogenomischer Aspekte zur Verringerung unerwünschter

25 Nebenwirkungen und einer korrekten Stratifizierung von Patienten, d.h. einer – erforderlichenfalls zeitabhängig – individualisierten Anwendung von Wirkstoffen. Im Vergleich zu herkömmlichen Wirkstoffentwicklungen ergibt sich eine erhebliche Kosten- und Zeitersparnis.

- 30 Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung betrifft die Behandlung von Krebs durch Modulation der Expression von wenigstens zwei Genen, die ausgewählt sind unter Mangan-Superoxiddismutase-Genen, Thioredoxinreduktase-Genen und Glutathionperoxidase-Genen.

- Insbesondere ist es Zweck der erfindungsgemäßen Behandlung, die Expression dieser Gene
- 35 zu verringern. Dabei richtet sich die Behandlung vornehmlich auf die zellulären Bestandteile von Körperflüssigkeiten, in denen zuvor disseminierte Krebszellen diagnostiziert wurden. Es ist davon auszugehen, dass durch die erfindungsgemäße Behandlung der Phänotyp eines

Großteils der in einem Individuum vorhandenen disseminierten Krebszellen derart beeinflusst wird, dass sich Überlebensfähigkeit der disseminierten Krebszellen verringert.

Ohne an einen bestimmten Mechanismus gebunden zu sein, kann ein solcher

- 5 Behandlungseffekt damit erklärt werden, dass die disseminierten Krebszellen einen durch die Überexpression eines oder mehrerer obiger Gene vermittelten Schutzmechanismus verlieren bzw. den in der jeweiligen Körperflüssigkeit herrschenden Bedingungen weniger angepasst sind, so dass es zu einer verstärkten Eliminierung der disseminierten Krebszellen kommt.

10

Eine erfindungsgemäß vorteilhafte Behandlungsvariante richtet sich auf die Modulation der MNSOD-Expression in Kombination mit einer Modulation der TXNRD- und/oder GPX-Expression. Besonders vorteilhaft ist die Modulation der MNSOD-, TXNRD- und GPX-Expression.

15

Verfahren und Mittel zur Expressionsmodulation bestimmter Gene sind im Prinzip bekannt. Insbesondere die Verringerung der Genexpression kann beispielsweise auf RNA-Ebene mit Hilfe spezifischer Antisense-Moleküle erreicht werden. Auf Protein-Ebene wird die Expressionsverminderung mit Hilfe spezifischer Bindungspartner erreicht werden, die eine

20 hinreichende Affinität für die exprimierten Proteine besitzen und diese in ihrer Funktion beeinträchtigen. Hierzu gehören beispielsweise spezifische Antikörper, aber auch niedermolekulare Verbindungen, die im vorliegenden Fall in Anlehnung an die von den Enzymen katalysierten Umsetzungen und insbesondere den umgesetzten Substraten entwickelt werden können. Demnach können insbesondere Inhibitoren der MNSOD-,

25 TXNRD- und/oder GPX-Aktivität eingesetzt werden.

Erfindungsgemäß wird daher einem zu behandelnden Individuum eine wirksame Menge einer Wirkstoffkombination verabreicht, welche die Expression von wenigstens zwei unter MNSOD-, TXNRD- und GPX-Genen ausgewählten Genen zu vermindern bzw. disseminierte

30 Krebszellen des behandelten Individuums zu eliminieren vermag.

Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist daher auch die Verwendung einer Kombination entsprechender Wirkstoffe zur Bereitstellung eines pharmazeutischen Mittels zur Behandlung von Krebs. Dabei kann diese Wirkstoffkombination in Form eines

35 entsprechenden Wirkstoff-Cocktails oder in Form von Einzelwirkstoffen zu unterschiedlichen Zeitpunkten, beispielsweise abwechselnd zu unterschiedlichen Tageszeitpunkten oder

sequenziell, verabreicht werden, wobei die Wirkstoffe in der Regel der pharmazeutischen Praxis entsprechend als pharmazeutisches Mittel zubereitet sind.

Ausführungsbeispiele

Figurbeschreibung

- 5 **Figur 1 zeigt die als Balkendiagramm aufgetragene Auswertung einer CCD-Kontaktbelichtungsaufnahme der von einem mit den benannten genspezifischen Sonden bestückten Array emittierten Fluoreszenzstrahlung nach Hybridisierung mit cDNA-Einzelstrangfragmenten, die aus Zellen im Blut eines Tumorpatienten gewonnen wurden.**

10 Proben

Folgende Proben werden für die nachstehend beschriebenen Untersuchungen herangezogen:

- 15 **Blut aus 9 gesunden Spendern und 47 Tumor-Patienten;
Mammakarzinom-Zelllinie BT474 (Referenzzelllinie für eine MNSOD-, TXNRD1- und GPX1-Überexpression)**

Tumorzell-Isolierung (Krebszellfraktion C)

20

10 ml heparinisiertes Blut werden abzentrifugiert (400 g; 10 min; RT). Das überstehende Plasma wird abgenommen. Die pelletierten Zellen werden in 12 ml PBS aufgenommen. Nach Dichtegradientenzentrifugation (Nycodenz 1.077; 800 g; 30 min, RT) werden die Interphasezellen (im Wesentlichen mononukleäre Zellen, kurz MNC-Fraktion) abgenommen
25 und 2 x in 10 ml PBS (1 mM EDTA) gewaschen (400 g; 10 min; 4°C). Die MNC-Fraktion wird in 10 ml PBS aufgenommen (1 mM EDTA, 0,5 % BSA). Als mögliche Bezugsgröße wird 1 ml dieses Zellgemisches abgenommen (Vergleichsfraktion A'). Die restlichen 9 ml Zellgemisch werden über eine Säule durch ein aus Polyester-Fäden gewebtes Sieb mit 20 µm Maschenweite (vertrieben von der SEFAR AG, Rüschlikon, Schweiz) geführt, und der
30 Siebdurchlauf wird als mögliche Bezugsgröße gesammelt (Vergleichsfraktion B'). Die Säule wird 5 x mit je 10 ml PBS (1 mM EDTA) gewaschen. Das Sieb wird herausgenommen, umgedreht und in einem Reaktionsgefäß mit 0,7 ml Trizol® inkubiert (5 min; RT). Das Sieb wird im Reaktionsgefäß oberhalb der Trizol®-Lösung plaziert und abzentrifugiert (200 g; 30 s; RT). Das trockene Sieb wird entfernt und die Trizol® -Lösung (Krebszellfraktion C) der
35 weiteren RNA -Isolation zugeführt.

Alternativ zur Inkubation des Siebes in Trizol® kann das Sieb der Säule entnommen, umgedreht und in PBS (1 mM EDTA, 0,5 % BSA) überführt werden, und die Zellen können durch Zentrifugation (400 g; 10 min, 4°C) pelletiert und der weiteren RNA-Isolation zugeführt werden.

5

Normalzell (Nichtkrebszell)-Isolierung (Vergleichsfraktionen A und B)

Zur Isolierung von CD45-positiven Lymphozyten als Vergleichsfraktionen werden jeweils 1/10 der MNC-Fraktion vor (Fraktion A') bzw. nach (Fraktion B') dem Siebvorgang
10 abgenommen. Diese werden in ein 1 ml PBS (0.5% BSA, 100 µg hu-IgG) enthaltendes Reaktionsgefäß überführt. Dazu werden 50 µl gewaschene anti-CD45-Microbeads gegeben. Der Ansatz rotiert 20 min bei 4°C. Anschließend wird das Reaktionsgefäß so an einer Magnetleiste positioniert, dass die Microbeads (gebunden an CD45-positive MNC's) an der Gefäßwand pelletieren. Durch dreimaliges Waschen der Bead-Zell-Aggregate erhält man
15 eine reine Population CD45-positiver Lymphozyten, welche dann in Trizol® gelöst der RNA-Isolation zugeführt werden kann. CD45-Isolate der MNC-Fraktion vor und nach dem Siebvorgang werden als Vergleichsfraktion A bzw. B bezeichnet.

RNA-Isolierung

20

Die Extraktion und Aufreinigung der RNA aus obigen Zelllinien erfolgt in an sich bekannter Weise, z.B. mit Hilfe geeigneter Kits wie sie von kommerziellen Anbietern, z.B. den Firmen Qiagen und GIBCO-BRL erhältlich sind.

25 mRNA-Expressionsanalyse

Der Mengen exprimierter mRNA werden mittels quantitativer RT-PCR bestimmt. Das PCR-Format basiert auf dem an sich bekannten 5'-Exonuklease-Assay (z.B. TaqMan®) und ist für die Anwendung auf dem Sequence Detector 7700 TaqMan® der Firma Applied Biosystems
30 (ABI) geeignet.

Folgende Reagenzien werden eingesetzt:

a) Reverse Transkription (RT)

35 5x First Strand-Puffer (Fa. Boehringer)

0,1 M Dithiothreitol (DTT)

RNA-Guard 38950U/ml (Fa. Pharmacia)

Random Hexamere 500µg/ml (Fa. Promega)
dNTPs je 20mM (Fa. Pharmacia)
M-MLV 200U/µl (Fa. Gibco)

5 b) PCR

10x TaqMan®-Puffer (Fa. Perkin Elmer (PE))
MgCl₂ 25 mM (PE)
dNTP-Mix (je 0,75 µl; 2,5mM)
ROX-Lösung (100x) (TIB)

10 Amplitaq®-Gold (PE) (für Hot Start-Methode)

Die genannten Reagenzien sind im Perkin Elmer TaqMan® PCR Core Reagent Kit enthalten.

15 Zur Durchführung der RT-PCR:

1. Die Reverse Transkription (RT)

Zunächst wird ein RT-Mix aus 2,35 µl H₂O, 4 µl 5x First Strand-Puffer, 2 µl 0,1 M DTT
20 0,15 µl RNA-Guard (38950 U/ml), 0,5 µl Random-Hexamere (500 µg/ml), 0,5 µl dNTP-Mix zu
je 20mM und 0,5 µl M-MLV (200 U/µl) vorbereitet.

Dann werden 10 µl RNA (ca. 1µg aus RNA-Isolierung) 1 min bei 70°C denaturiert, sofort auf
Eis gestellt und 3 min abgekühlt, anschließend mit 10 µl RT-Mix luftblasenfrei vermischt,
25 zunächst 60 min bei 37°C und dann 3 min bei 95°C inkubiert, sofort auf Eis gestellt und 3 min
abgekühlt.

Dieses das reverse Transkriptat (cDNA) enthaltende Reaktionsgemisch wird entweder direkt
der PCR unterworfen oder bei -20°C eingefroren.

30

2. Die PCR

Zunächst wird ein PCR-Prämix aus 28,5 µl H₂O, 5,0 µl Puffer (PE), 6µl ROX-Lösung (100x)
(TIB), 6,0 µl MgCl₂ (25mM), 3,0 µl dNTP-Mix (je 0,75 µl; 2,5mM), 1,0 µl Primer (sense; 20
35 pmol/µl), 1,0 µl Primer (antisense; 20 pmol/µl), 0,5 µl Sonde (20 pmol/µl) und 0,5 µl Amplitaq-
Gold (PE 5U/ µl) vorbereitet.

Für die Detektion der PCR-Produkte auf dem Sequence Detector 7700 TaqMan® sind spezielle Reaktionsgefäße erforderlich. Geeignet sind die PE Optical Tubes in Kombination mit den PE Optical Caps. Pro Tube setzt man 47µl PCR-Prämix sowie 3µl cDNA-Lösung ein.

- 5 Für die Amplifikation wählt man dann eine 2-Schritt-Methode bei folgenden Thermocycling-Bedingungen:

95° C 10 min Hot Start Aktivierung

95° C 30 sec

60° C 60 sec

- 10 20° C unendlich Zyklenanzahl: 45

2.1 Bestimmung der Mangan-Superoxiddismutase-mRNA (MNSOD-mRNA)

Folgende MNSOD-spezifische Primer und Sonden werden verwendet (MNSOD , SOD2;

- 15 Accession-Nr.: M36693):

sense: 5'- GTCACCGAGGAGAAGTACCAGG -3' (SEQ ID NO:1)

antisense: 5'- GGGCTGAGGTTTGTCCAGAA-3' (SEQ ID NO:2)

20

Sonde: 5'- CGTTGGCCAAGGGAGATGTTACAGCCC -3' (SEQ ID NO:3)

Grösse des PCR-Produktes: 131 bp.

- 25 2.2 Bestimmung der Thioredoxinreduktase1-mRNA (TXNRD1-mRNA)

Folgende TXNRD1-spezifische Primer und Sonden werden verwendet (TXNRD1; Accession-Nr.: X91247 cDNA):

- 30 sense: 5'- GGAGGGCAGACTTCAAAAGCTAC -3' (SEQ ID NO:4)

antisense: 5'-ACAAAGTCCAGGACCATCACCT -3' (SEQ ID NO:5)

Sonde: 5'- TTGGGCTGCCTCCTTAGCAGCTGCCA -3' (SEQ ID NO:6)

35

Grösse des PCR-Produktes: 158 bp.

2.3 Bestimmung der Glutathionperoxidase-mRNA (GPX1-mRNA)

Folgende GPX1-spezifische Primer und Sonden werden verwendet (GPX1; Accession-Nr.: M21304):

5

sense: 5'- CTCGGCTTCCCGTGCAA -3' (SEQ ID NO:7)

antisense: 5'- TGAAGTTGGGCTCGAACCC -3' (SEQ ID NO:8)

10 Sonde: 5'- AGTTTGGGCATCAGGAGAACGCCAAGAA -3' (SEQ ID NO:9)

Grösse des PCR-Produktes: 109 bp .

2.4 Bestimmung der Glyceraldehyd-3-phosphatdehydrogenase-mRNA (GAPDH-mRNA)

15

Folgende GAPDH-spezifische Primer und Sonden werden verwendet (GAPDH; Accession-Nr. X01677):

sense: 5'- TGCTGATGCCCCCATGTTC -3' (SEQ ID NO:10)

20

antisense: 5'- GGCAGTGATGGCATGGACTG -3' (SEQ ID NO:11)

Sonde: 5'- TCAAGATCATCAGCAATGCCTCCTGCA -3'
(SEQ ID NO:12)

25

Grösse des PCR-Produktes: 174 bp .

3. Die Auswertung

30 Zur Auswertung bildet man für die Fraktionen A bzw. A' und C jeweils das Verhältnis von Zelläquivalenten der zu bestimmenden mRNA zu Zelläquivalenten GAPDH-mRNA und setzt die resultierenden Quotienten wiederum ins Verhältnis. Bei einem Verhältnis des Fraktion C-Quotienten zu dem Fraktion A-Quotienten von mehr als einem zu definierenden Grenzwert, liegt eine Überexpression der betreffenden mRNA vor.

35

Die Zelläquivalente beziehen auf einen Zellstandard. Dieser Zellstandard wird hergestellt, indem aus einer bekannten Anzahl von Zellen (z.B. 2×10^6) einer Zellsuspension einer Karzinomzelllinie, die den jeweiligen Parameter exprimiert (Zelllinie BT474 für MNSOD, GPX1 und TXNRD1), in der oben beschriebenen Weise mRNA extrahiert und in cDNA umgeschrieben wird. Diese cDNA wird bei jeder quantitativen Analyse in Form einer Verdünnungsreihe (z.B. 6 Verdünnungsstufen) mitgeführt und dient als Bezugssystem.

Resultate:

Beispiel 1: Gesunde Spender:

In Tabelle 1 sind für gesunde Spender (Anzahl N) die in den isolierten Zellen (Fraktion C) bestimmten Mengen an MNSOD-, TXNRD1- und GPX1-mRNA angegeben, und zwar im Verhältnis zu den Mengen entsprechender mRNAs in der Vergleichszellfraktion (Fraktion A).

Tabelle 1: MNSOD-, TXNRD1- und GPX1-mRNA-Expression im Blut gesunder Spender

	N	Mittelwert	Standardabweichung	Grenze
MNSOD	9	0.9300	0.2891	1.2
TXNRD1	9	0.9133	0.4166	1.3
GPX1	8	3.6888	1.5533	5.2

Die aus Blut isolierten Zellen zeigen eine leicht erhöhte GPX1-Expression. Die Expression der MNSOD und TXNRD1 ist bezogen auf die Vergleichszellfraktion, also den Lymphozyten, unverändert.

Für die nachfolgende Beurteilung der an Tumorpatienten gemessenen Expressionswerte werden diejenigen Werte als positiv gewertet, die den Durchschnittswert plus Standardabweichung überschritten. Dieser Werte sind als Grenzwert in Tabelle 1 angegeben.

Beispiel 2: Tumorpatienten

Es werden eine Reihe von Tumorpatienten mit unterschiedlichen Tumoren in die Untersuchung einbezogen. Die Tumore sind durch verschiedene andere medizinische Verfahren diagnostiziert worden.

1. Sensitivität

Nachfolgend ist für die nach Tumorart aufgeschlüsselten Tumor-Patienten (Anzahl N) angegeben, in wieviel Fällen die Expression der MNSOD-, TXNRD1- bzw. GPX1-mRNA in den isolierten Zellen (Fraktion C) im Verhältnis zu den Zellen der Gesamtzellfraktion (Fraktion A') erhöht ist (positiv).

MNSOD

10	Untersuchungen		N=93	
	Patienten		N=90	
	davon Mamma	41	(40 positiv)	
	Colon	8	(8 positiv)	
15	Prostata	8	(7 positiv)	
	Ovar	8	(5 positiv)	
	Lunge	5	(2 positiv)	
	Blase	4	(3 positiv)	
	Leber	2	(1 positiv)	
20	Schilddrüse	2	(2 positiv)	
	Andere	12	(10 positiv)	→ 78/90 = 87% POSITIV

TXNRD1

25	Untersuchungen		N=93	
	Patienten		N=90	
	davon Mamma	41	(31 positiv)	
30	Prostata	9	(6 positiv)	
	Colon	8	(6 positiv)	
	Ovar	7	(3 positiv)	
	Lunge	5	(1 positiv)	
	Blase	4	(3 positiv)	
35	Leber	2	(1 positiv)	
	Schilddrüse	2	(1 positiv)	
	Andere	12	(8 positiv)	→ 60/90 = 67% POSITIV

GPX1

5	Untersuchungen		N=89	
	Patienten		N=86	
	davon Mamma	40	(25 positiv)	
	Colon	8	(6 positiv)	
10	Prostata	7	(5 positiv)	
	Ovar	7	(3 positiv)	
	Lunge	4	(2 positiv)	
	Blase	4	(2 positiv)	
	Leber	2	(2 positiv)	
15	Schilddrüse	2	(2 positiv)	
	Andere	12	(6 positiv)	→ 53/86 = 62% POSITIV

MNSOD und TXNRD1 und GPX1

20	Untersuchungen		N=88	
	Patienten		N=85	
	0 positiv	6/85	=	7%
	1 positiv	9/85	=	11%
25	2 positiv	33/85	=	39%
	3 positiv	37/85	=	44%
		→	in 93% mindestens 1 Gen POSITIV	

- 30 Ein auf die Bestimmung aller 3 Parameter gerichteter Nachweis besitzt daher eine Sensitivität 93%, während die Sensitivität der Einzelnachweise bei 87, 67 bzw. 62% liegt.

2. Korrelation untereinander

- 35 Zusätzlich zur Sensitivität jedes einzelnen Parameters zeigt sich, dass in 74% (58/78) der Fälle, in denen die MNSOD-Expression erhöht ist, auch eine verstärkte TXNRD1-Expression zu beobachten ist (der Korrelationskoeffizient rho nach Pearson beträgt 0,75). Dabei haben

ein Teil, nämlich 65% (49/75), der Patienten mit einer erhöhten MNSOD-Expression auch eine erhöhte GPX1-Expression (vergleiche Tabellen 2a,b,c: Korrelationsanalyse von TXNRD1 bzw. GPX1 bezogen auf MNSOD und von GPX1 bezogen auf TXNRD1).

- 5 Die Korrelation zwischen einer erhöhten MNSOD-Expression und einer erhöhten TXNRD1-Expression in disseminierten Krebszellen war nicht zu erwarten, da die beiden Enzyme unterschiedliche Funktionen besitzen.

Tabelle 2a: Korrelation von TXNRD1 bezogen auf MNSOD

10

	MNSOD negativ		MNSOD positiv	
TXNRD1 negativ	10/11	91%	20/78	26%
TXNRD1 positiv	1/11	9%	58/78	74%

p=0.0001 (Pearson-Test)

Tabelle 2b: Korrelation von GPX1 bezogen auf MNSOD

	MNSOD negativ		MNSOD positiv	
GPX1 negativ	7/11	64%	26/75	35%
GPX1 positiv	4/11	36%	49/75	65%

15

p=0.10 (Pearson-Test)

Tabelle 2c: Korrelation von GPX1 bezogen auf TXNRD1

	TXNRD1 negativ		TXNRD1 positiv	
GPX1 negativ	12/27	44%	20/58	34%
GPX1 positiv	15/27	56%	38/58	66%

$p=0.38$ (Pearson-Test)

3. Korrelation mit einer bcl-2-Überexpression

5

Darüber hinaus zeigt sich, dass in 100% (5/5) der Fälle, in denen die TXNRD1-Expression erhöht ist, auch eine verstärkte bcl-2-Expression zu beobachten ist (der Korrelationskoeffizient rho nach Pearson beträgt 0,32 und nach Spearman 0,58; vergleiche Tabellen 3a,b,c: Korrelationsanalyse von MNSOD, TXNRD1 bzw. GPX1 bezogen auf bcl-2).

10

Dies zeigt, dass eine erhöhte TXNRD1-Expression an der mit einer erhöhten bcl-2-Expression assoziierten Apoptoseblockade beteiligt ist.

Tabelle 3a: Korrelation von MNSOD bezogen auf bcl-2

	bcl-2 negativ		bcl-2 positiv	
MNSOD negativ	9/41	22%	0/5	0%
MNSOD positiv	32/41	78%	5/5	100%

15

$p=0.57$ (Pearson-Test)

Tabelle 3b: Korrelation von TXNRD1 bezogen auf bcl-2

	bcl-2 negativ		bcl-2 positiv	
TXNRD1 negativ	20/41	49%	0/5	0%
TXNRD1 positiv	21/41	51%	5/5	100%

20 $p=0.06$ (Pearson-Test)

Tabelle 3c: Korrelation von GPX1 bezogen auf bcl-2

	bcl-2 negativ		bcl-2 positiv	
GPX1 negativ	10/39	26%	3/5	60%
GPX1 positiv	29/39	74%	2/5	40%

$p=0.14$ (Pearson-Test)

5 4. Korrelation mit Tumor-Patienten

Ein Vergleich zwischen den gesunden Spendern und einigen der Tumorpatienten (Tabellen 4a-c) zeigt, dass zwischen der gemessenen erhöhten Expression der Gene MNSOD, TXNRD1 und GPX1 und den Tumorpatienten eine überraschend deutliche Korrelation besteht.

Tabelle 4a: Vergleich zwischen gesunden Spendern und Tumorpatienten hinsichtlich der MNSOD-Expression

	Gesunde	TUMOR
N	9	43
Mittelwert	0.93	4.82
Median	1.01	3.62

15 Wilcoxon $p=0.0004$
Median $p=0.001$

Tabelle 4b: Vergleich zwischen gesunden Spendern und Tumorpatienten hinsichtlich der TXNRD1-Expression

	Gesunde	TUMOR
N	9	44
Mittelwert	0.91	2.18
Median	0.97	1.72

20 Wilcoxon $p=0.02$
Median $p=0.01$

Tabelle 4c: Vergleich zwischen gesunden Spendern und Tumorpatienten hinsichtlich der GPX1-Expression

	Gesunde	TUMOR
N	8	38
Mittelwert	3.69	18.98
Median	2.88	13.09

Wilcoxon $p=0.0006$

5 Median $p=0.002$

5. Korrelation mit Rezidiven

Ein weiterer Vergleich innerhalb der Gruppe der Tumorpatienten zwischen denjenigen, bei denen eine Rezidiv aufgetreten ist, und denjenigen, bei denen ein Rezidiv nicht aufgetreten ist, zeigt, dass zwischen der gemessenen erhöhten Expression der Gene MNSOD, TXNRD1 und GPX1 und dem Auftreten von Rezidiven ebenfalls eine überraschend deutliche Korrelation besteht. Dies gilt für sämtliche der untersuchten Tumoren (Tabellen 5a-c) und insbesondere für Patientinnen mit Mamma-Karzinomen (Tabellen 6a-c). Ein überraschender Vorteil des erfindungsgemäßen Verfahrens liegt darin, dass wenigstens 2 und insbesondere alle 3 Parameter besser mit dem klinischen Verlauf einer Krebserkrankung korrelieren, als ein Parameter allein (Tabellen 7a, b).

20 Tabelle 5a: Vergleich zwischen rezidivfreien und rezidierten Tumorpatienten hinsichtlich der MNSOD-Expression

	kein Rezidiv	Rezidiv
N	23	14
Mittelwert	3.12	6.17
Median	2.78	5.43

Wilcoxon $p=0.02$

Median $p=0.005$

Tabelle 5b: Vergleich zwischen rezidivfreien und rezidierten Tumorpatienten hinsichtlich der TXNRD1-Expression

	kein Rezidiv	Rezidiv
N	23	14
Mittelwert	1.48	2.32
Median	1.17	2.09

Wilcoxon $p=0.05$

5 Median $p=0.14$

Tabelle 5c: Vergleich zwischen rezidivfreien und rezidierten Tumorpatienten hinsichtlich der GPX1-Expression

	kein Rezidiv	Rezidiv
N	20	14
Mittelwert	13.01	23.49
Median	9.20	15.66

10 Wilcoxon $p=0.05$

Median $p=0.04$

Tabelle 6a: Vergleich zwischen rezidivfreien und rezidierten Mamma-Karzinompatientinnen hinsichtlich der MNSOD-Expression

	kein Rezidiv	Rezidiv
N	12	4
Mittelwert	2.92	8.71
Median	2.73	6.66

15

Wilcoxon $p=0.03$

Median $p=0.03$

Tabelle 6b: Vergleich zwischen rezidivfreien und rezidierten Mamma-Karzinompatientinnen hinsichtlich der TXNRD1-Expression

20

	kein Rezidiv	Rezidiv
N	12	4
Mittelwert	1.53	2.95
Median	1.43	2.84

Wilcoxon $p=0.06$

Median $p=0.26$

5 Tabelle 6c: Vergleich zwischen rezidivfreien und rezidierten Mamma-Karzinompatientinnen hinsichtlich der GPX1-Expression

	kein Rezidiv	Rezidiv
N	11	4
Mittelwert	11.12	19.17
Median	9.10	15.66

Wilcoxon $p=0.13$

Median $p=0.02$

10

Tabelle 7a: Vergleich zwischen rezidivfreien und rezidierten Mamma-Karzinompatientinnen hinsichtlich der MNSOD, TXNRD1 und GPX1-Expression

	kein Rezidiv		Rezidiv	
0	0/18	0%	0/7	0%
1	2/18	11%	0/7	0%
2	8/18	44%	3/7	43%
3	8/18	44%	4/7	57%

15 Tabelle 7b: Vergleich zwischen rezidivfreien und rezidierten Tumorpatienten hinsichtlich der MNSOD, TXNRD1 und GPX1-Expression

	kein Rezidiv		Rezidiv	
0	1/28	4%	3/29	10%
1	4/28	14%	2/29	7%
2	11/28	39%	9/29	31%
3	12/28	43%	15/29	52%

6. Korrelation mit DNA-Aberrationen

- 20 Auch das Auftreten von DNA-Aberrationen, d.h. genomischen Imbalancen (G.I.) (vgl. Giesing M, et al. Int J Biol Markers, 15-94, 2000) in den isolierten Zellen korreliert deutlich mit einer erhöhten Expression der Gene MNSOD, TXNRD1 und GPX1, wie die in Tabellen 8a-d dargestellten Ergebnisse belegen. Es korreliert die Anzahl genomischer Imbalancen mit der Anzahl der unter MNSOD, TXNRD1 und GPX1 ausgewählten überexprimierten Gene.

Tabelle 8a: Vergleich zwischen der Abwesenheit und dem Auftreten genomischer Imbalanzen hinsichtlich der MNSOD-Überexpression

	1 G.I.		≥ 2 G.I.	
SOD > 1.2	16/19	84%	8/8	100%

5

Tabelle 8b: Vergleich zwischen der Abwesenheit und dem Auftreten genomischer Imbalanzen hinsichtlich der TXNRD1-Überexpression:

	1 G.I.		≥ 2 G.I.	
TXNRD1 > 1.3	12/19	63%	5/9	56%

10 Tabelle 8c: Vergleich zwischen der Abwesenheit und dem Auftreten genomischer Imbalanzen hinsichtlich der GPX1-Überexpression:

	1 G.I.		≥ 2 G.I.	
GPX1 > 5.2	11/17	65%	8/8	100%

Tabelle 8d: Vergleich zwischen der Abwesenheit und dem Auftreten genomischer Imbalanzen hinsichtlich der MNSOD-, TXNRD1- und GPX1-Überexpression:

	1 G.I.		≥ 2 G.I.	
0	0/17	0%	0/7	0%
1	2/17	12%	0/7	0%
2	8/17	53%	2/7	29%
3	8/17	35%	5/7	71%

15

Erfindungsgemäße mRNA-Expressionsanalyse mittels Biochips

Gesamtamplifikation der mRNA

- 20 Die Amplifikation der RNA erfolgt wie in Zohlnhöfer D, et al. Circulation 103,1396-1402, 2001 beschrieben.

Chip-Design

Auf dem Chip sind neben verschiedenen tumorrelevanten genspezifischen Sonden auch Sonden zur Quantifizierung der MnSOD-, GPX2-, GPX3- und TXNRD-Expression integriert.

5

Folgende MnSOD-, GPX2-, GPX3- und TXNRD -spezifische Sonden werden verwendet:

MNSOD:

GAACAACAGGCCTTATTCCACTGCTGGGGATTGATGTGTGGGAGCACGCTTACTACCTT
10 C (SEQ ID NO:19)

TXNRD1:

CGTGTTGTGGGCTTTCACGTACTGGGTCCAAATGCTGGAGAAGTTACACAAGGCTTTGC
15 A (SEQ ID NO:20)

GPX2:

TACAGCCGCACCTTCCCAACCATCAACATTGAGCCTGACATCAAGCGCCTCCTTAAAGT
T (SEQ ID NO:21)

20 GPX3:

CTCTTCTGGGAACCCATGAAGGTTACGACATCCGCTGGAACTTTGAGAAGTTCCTGGT
G (SEQ ID NO:22)

Herstellung der Oligonukleotid-Arrays

25

Herstellung der Sonden

a) Oligonukleotide (60-mere)

Die Oligonukleotide werden in an sich bekannter Weise über eine Festphasensynthese nach
30 der Phosphoramiditmethode hergestellt. Es werden über das 3'-OH an die Festphase
gekoppelte Oligonukleotide mit DMTr-geschütztem 5'-OH und obiger Sequenz synthetisiert.

b) Chinon-Spacer-Konstrukt

Dieses werden in an sich bekannter Weise aus Anthrachinon-2-carbonsäure, Mono-Boc-1,3-
35 propandiamin und Hexaethylenglykol synthetisiert.

c) Chinon-Spacer-Oligonukleotid-Konstrukt

Nach dem Aufbau obiger Sequenzen, werden abermals die DMTr-Schutzgruppe am 5'-Ende unter sauren Bedingungen mit ZnBr_2 entfernt und das freie 5'-OH mit dem 2-Cyanoethyl-N,N-diisopropyl-chlorphosphoramidit-aktivierten Chinon-Spacer-Konstrukt umgesetzt.

- 5 Die auf diese Weise synthetisierten Chinonderivate weisen daher eine Struktur der allgemeinen Formel $\text{AQ-CO-NH-(CH}_2)_3\text{-NH-(CH}_2)_2\text{-(OCH}_2\text{CH}_2)_5\text{-O-PO}_2\text{-5'}$ (SEQ ID NO:19-22)-3' auf.

- 10 Auch die übrigen krebsrelevanten genspezifischen Sonden werden in analoger Weise hergestellt.

Kopplung der Sonden an die Array-Oberfläche

- 15 Eine wässrige Lösung (2 mM Calciumchlorid; 1 Vol.-% 1-Propanol) jedes gewünschten Chinonderivates (10 μM) wird mit einem Piezodispenser (1-Kanal; Genesis NPS 100/4 mit Active Tip M, TECAN AG, Hombrechtikon, CH) in einem Raster von 400 μm auf Polycycloolefin (Zeonex 480R; Zeon) aufgetragen. Die Tropfengröße beträgt etwa 0,5 nL. Nach dem Eintrocknen der Spots wird der Träger 1 min mit UV-Licht bestrahlt. Anschließend wird der Träger gewaschen und an der Luft bei Raumtemperatur getrocknet. Die
- 20 Durchmesser der resultierenden Spots betragen etwa 120 bis 180 μm .

Hybridisierung

- 25 Die aus der RNA-Amplifikation erhaltenen Ansätze werden in geeigneter Weise mit 2xSSPE-Puffer verdünnt und auf den Array pipettiert. Es wird 16 Stunden bei 60 °C inkubiert. Nach zwei Waschschritten mit 1xSSPE-Puffer bei 60°C wird Cy5-Streptavidin (Amersham Pharmacia Biotec) hinzugegeben und 15 min bei Raumtemperatur inkubiert.

Auswertung des Arrays

- 30 Mit Hilfe eines CCD-Kamerascanners wird die Fluoreszenz bestimmt.

Beispiel 3: Tumorpatienten

Figur 1 zeigt eine CCD-Kontaktbelichtungsaufnahme der vom Array emittierten Fluoreszenzstrahlung nach Hybridisierung mit cDNA-Einzelstrangfragmenten, die in der
5 oben beschriebenen Weise mittels mRNA-Gesamtamplifikation aus der Tumorzellfraktion C bzw. der Vergleichzellfraktion A' generiert wurden.

Die Überexpression von MNSOD und GPX2 in der Tumorzellfraktion ist deutlich zu erkennen. Die Messung unterstreicht die gegenüber anderen tumorzellnachweisenden
10 Genen erhöhte Sensitivität und Spezifität des erfindungsgemäßen Nachweisverfahrens.

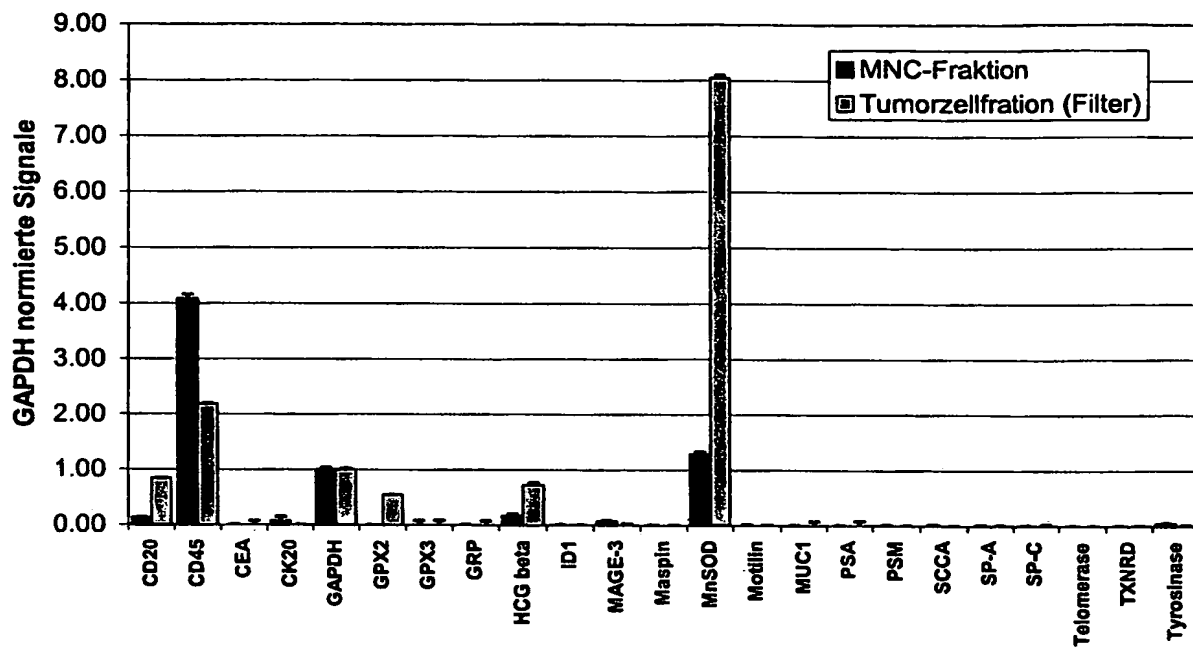
Patentansprüche

1. Verfahren zum Untersuchen biologischer Proben auf Krebszellen, wobei man an wenigstens einer zellhaltigen Fraktion der biologischen Probe die Expression von wenigstens 2 Genen bestimmt, die ausgewählt sind unter
 - i) Mangan-Superoxiddismutase-Genen;
 - ii) Thioredoxinreduktase-Genen; und
 - iii) Glutathionperoxidase-Genen.
2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass man die Expression wenigstens eines Mangan-Superoxiddismutase-Gens, wenigstens eines Thioredoxinreduktase-Gens und wenigstens eines Glutathionperoxidase-Gens Gens bestimmt.
3. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, dass die biologische Probe eine unter Blut, Knochenmark, Lymphe, Sputum, Lavagen, Punktaten, Ascites, Schleimhautabstrichen, Exsudate, Urin und Stuhl ausgewählte Körperflüssigkeit ist.
4. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass man die zellhaltige Fraktion aus der biologischen Probe unter Anreicherung von Krebszellen gewinnt.
5. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass man
 - die zellhaltige Fraktion aus der biologischen Probe unter Anreicherung von Krebszellen gewinnt und die Expression der Gene in der zellhaltigen Fraktion bestimmt,
 - eine weitere zellhaltige Fraktion der biologischen Probe oder einer vergleichbaren biologischen Probe bereitstellt und die Expression der Gene in der weiteren zellhaltigen Fraktion bestimmt, und
 - für jedes Gen dessen Expression in der zellhaltigen Fraktion mit dessen Expression in der weiteren zellhaltigen Fraktion vergleicht.

6. Verfahren nach Anspruch 5, dadurch gekennzeichnet, dass die vergleichbare biologische Probe aus dem Individuum stammt, dessen biologische Probe auf Krebszellen untersucht wird.
7. Verfahren nach einem der Ansprüche 5 oder 6, dadurch gekennzeichnet, dass man feststellt, ob die Expression der Gene in der zellhaltigen Fraktion im Vergleich zur Expression der Gene in der weiteren zellhaltigen Fraktion erhöht ist.
8. Verwendung eines Verfahrens nach einem der Ansprüche 1 bis 7 zur Identifizierung von disseminierten Krebszellen in einem Individuum, insbesondere zur Tumorrüherkennung, und zur Abschätzung des Risikos, dass das Individuum eine Metastase oder ein Rezidiv entwickelt.
9. Analysekit, enthaltend Mittel zur Bestimmung der Expression von wenigstens 2 Genen, die ausgewählt sind unter
 - i) Mangan-Superoxiddismutase-Genen;
 - ii) Thioredoxinreduktase-Genen; und
 - iii) Glutathionperoxidase-Genen,und gegebenenfalls weitere übliche Mittel zur Durchführung eines Verfahrens nach einem der Ansprüche 1 bis 7.
10. Verwendung einer Kombination aus Wirkstoffen zur Verminderung der Expression von wenigstens 2 Genen, die ausgewählt sind unter
 - i) Mangan-Superoxiddismutase-Genen;
 - ii) Thioredoxinreduktase-Genen; und
 - iii) Glutathionperoxidase-Genen,zur Bereitstellung eines pharmazeutischen Mittels zur Behandlung von Krebs.

1/1

Fig. 1



SEQUENCE LISTING

<110> Giesing, Michael

<120> Verfahren zum Untersuchen von Körperflüssigkeiten auf Krebszellen, dessen Verwendung, entsprechende Analysekits und Verwendung bestimmter Wirkstoffe zur Behandlung von Krebs

<130> M-43161-EP

<150> DE 102 38 046.5

<151> 2002-08-20

<160> 22

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> forward primer (MNSOD)

<400> 1

gtcaccgagg agaagtagca gg

22

<210> 2

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> reverse primer (MNSOD)

<400> 2

gggctgaggt ttgtccagaa

20

<210> 3

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> probe (MNSOD)

<400> 3

cggtggccaa gggagatggt acagccc

27

<210> 4

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> forward primer (TXNRD1)

<400> 4

ggagggcaga cttcaaaagc tac

23

<210> 5
<211> 22
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> reverse primer (TXNRD1)

<400> 5
acaaagtcca ggaccatcac ct 22

<210> 6
<211> 26
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> probe (TXNRD1)

<400> 6
ttgggctgcc tccttagcag ctgcca 26

<210> 7
<211> 17
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> forward primer (GPX1)

<400> 7
ctcggttcc cgtgcaa 17

<210> 8
<211> 19
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> reverse primer (GPX1)

<400> 8
tgaagttggg ctggaaccc 19

<210> 9
<211> 28
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> probe (GPX1)

<400> 9
agtttgggca tcaggagaac gccaagaa 28

<210> 10

<211> 19
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> forward primer (GAPDH)

<400> 10
 tgctgatgcc cccatgttc

19

<210> 11
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> reverse primer (GAPDH)

<400> 11
 ggcagtgatg gcatggactg

20

<210> 12
 <211> 27
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> probe (GAPDH)

<400> 12
 tcaagatcat cagcaatgcc tcttgca

27

<210> 13
 <211> 222
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 13

Met Leu Ser Arg Ala Val Cys Gly Thr Ser Arg Gln Leu Ala Pro Ala
 1 5 10 15

Leu Gly Tyr Leu Gly Ser Arg Gln Lys His Ser Leu Pro Asp Leu Pro
 20 25 30

Tyr Asp Tyr Gly Ala Leu Glu Pro His Ile Asn Ala Gln Ile Met Gln
 35 40 45

Leu His His Ser Lys His His Ala Ala Tyr Val Asn Asn Leu Asn Val
 50 55 60

Thr Glu Glu Lys Tyr Gln Glu Ala Leu Ala Lys Gly Asp Val Thr Ala
 65 70 75 80

Gln Thr Ala Leu Gln Pro Ala Leu Lys Phe Asn Gly Gly Gly His Ile

85

90

95

Asn His Ser Ile Phe Trp Thr Asn Leu Ser Pro Asn Gly Gly Gly Glu
100 105 110

Pro Lys Gly Glu Leu Leu Glu Ala Ile Lys Arg Asp Phe Gly Ser Phe
115 120 125

Asp Lys Phe Lys Glu Lys Leu Thr Ala Ala Ser Val Gly Val Gln Gly
130 135 140

Ser Gly Trp Gly Trp Leu Gly Phe Asn Lys Glu Arg Gly His Leu Gln
145 150 155 160

Ile Ala Ala Cys Pro Asn Gln Asp Pro Leu Gln Gly Thr Thr Gly Leu
165 170 175

Ile Pro Leu Leu Gly Ile Asp Val Trp Glu His Ala Tyr Tyr Leu Gln
180 185 190

Tyr Lys Asn Val Arg Pro Asp Tyr Leu Lys Ala Ile Trp Asn Val Ile
195 200 205

Asn Trp Glu Asn Val Thr Glu Arg Tyr Met Ala Cys Lys Lys
210 215 220

<210> 14
<211> 976
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 14
gcggggcggcg caggagcggc actcgtggct gtgggtggctt cggcagcggc ttcagcagat 60
cggcggcatc agcggtagca ccagcactag cagcatgttg agccgggcag tgtgcggcac 120
cagcaggcag ctggctccgg ctttggggta tctgggctcc aggcagaagc acagcctccc 180
cgacctgccc tacgactacg gcgccctgga acctcacatc aacgcgcaga tcatgcagct 240
gcaccacagc aagcaccacg cggcctacgt gaacaacctg aacgtcaccg aggagaagta 300
ccaggaggcg ttggccaagg gagatgttac agcccagaca gctcttcagc ctgcactgaa 360
gttcaatggt ggtggtcata tcaatcatag cattttcttg acaaacctca gccctaacgg 420
tggtggagaa cccaaagggg agttgctgga agccatcaaa cgtgactttg gttcctttga 480
caagtttaag gagaagctga cggctgcacg tgttggtgtc caaggctcag gttgggggtg 540
gcttggtttc aataaggaac ggggacactt acaaattgct gcttggtccaa atcaggatcc 600
actgcaagga acaacaggcc ttattccact gctggggatt gatgtgtggg agcacgctta 660

ctaccttcag tataaaaaatg tcaggcctga ttatctaaaa gctatttgga atgtaatcaa 720
 ctgggagaat gtaactgaaa gatacatggc ttgcaaaaag taaaccacga tcgttatgct 780
 gagtatgtta agctctttat gactgttttt gtagtggtat agagtactgc agaatacagt 840
 aagctgctct attgtagcat ttcttgatgt tgcttagtca cttatttcac aaacaactta 900
 atgttctgaa taatttctta ctaaacattt tgttattggg caagtgattg aaaatagtaa 960
 atgctttgtg tgattg 976

<210> 15
 <211> 497
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 15

Met Asn Gly Pro Glu Asp Leu Pro Lys Ser Tyr Asp Tyr Asp Leu Ile
 1 5 10 15

Ile Ile Gly Gly Gly Ser Gly Gly Leu Ala Ala Ala Lys Glu Ala Ala
 20 25 30

Gln Tyr Gly Lys Lys Val Met Val Leu Asp Phe Val Thr Pro Thr Pro
 35 40 45

Leu Gly Thr Arg Trp Gly Leu Gly Gly Thr Cys Val Asn Val Gly Cys
 50 55 60

Ile Pro Lys Lys Leu Met His Gln Ala Ala Leu Leu Gly Gln Ala Leu
 65 70 75 80

Gln Asp Ser Arg Asn Tyr Gly Trp Lys Val Glu Glu Thr Val Lys His
 85 90 95

Asp Trp Asp Arg Met Ile Glu Ala Val Gln Asn His Ile Gly Ser Leu
 100 105 110

Asn Trp Gly Tyr Arg Val Ala Leu Arg Glu Lys Lys Val Val Tyr Glu
 115 120 125

Asn Ala Tyr Gly Gln Phe Ile Gly Pro His Arg Ile Lys Ala Thr Asn
 130 135 140

Asn Lys Gly Lys Glu Lys Ile Tyr Ser Ala Glu Ser Phe Leu Ile Ala
 145 150 155 160

Thr Gly Glu Arg Pro Arg Tyr Leu Gly Ile Pro Gly Asp Lys Glu Tyr
 165 170 175

Cys Ile Ser Ser Asp Asp Leu Phe Ser Leu Pro Tyr Cys Pro Gly Lys
180 185 190

Thr Leu Val Val Gly Ala Ser Tyr Val Ala Leu Glu Cys Ala Gly Phe
195 200 205

Leu Ala Gly Ile Gly Leu Gly Val Thr Val Met Val Arg Ser Ile Leu
210 215 220

Leu Arg Gly Phe Asp Gln Asp Met Ala Asn Lys Ile Gly Glu His Met
225 230 235 240

Glu Glu His Gly Ile Lys Phe Ile Arg Gln Phe Val Pro Ile Lys Val
245 250 255

Glu Gln Ile Glu Ala Gly Thr Pro Gly Arg Leu Arg Val Val Ala Gln
260 265 270

Ser Thr Asn Ser Glu Glu Ile Ile Glu Gly Glu Tyr Asn Thr Val Met
275 280 285

Leu Ala Ile Gly Arg Asp Ala Cys Thr Arg Lys Ile Gly Leu Glu Thr
290 295 300

Val Gly Val Lys Ile Asn Glu Lys Thr Gly Lys Ile Pro Val Thr Asp
305 310 315 320

Glu Glu Gln Thr Asn Val Pro Tyr Ile Tyr Ala Ile Gly Asp Ile Leu
325 330 335

Glu Asp Lys Val Glu Leu Thr Pro Val Ala Ile Gln Ala Gly Arg Leu
340 345 350

Leu Ala Gln Arg Leu Tyr Ala Gly Ser Thr Val Lys Cys Asp Tyr Glu
355 360 365

Asn Val Pro Thr Thr Val Phe Thr Pro Leu Glu Tyr Gly Ala Cys Gly
370 375 380

Leu Ser Glu Glu Lys Ala Val Glu Lys Phe Gly Glu Glu Asn Ile Glu
385 390 395 400

Val Tyr His Ser Tyr Phe Trp Pro Leu Glu Trp Thr Ile Pro Ser Arg
405 410 415

Asp Asn Asn Lys Cys Tyr Ala Lys Ile Ile Cys Asn Thr Lys Asp Asn
420 425 430

Glu Arg Val Val Gly Phe His Val Leu Gly Pro Asn Ala Gly Glu Val
 435 440 445

Thr Gln Gly Phe Ala Ala Ala Leu Lys Cys Gly Leu Thr Lys Lys Gln
 450 455 460

Leu Asp Ser Thr Ile Gly Ile His Pro Val Cys Ala Glu Val Phe Thr
 465 470 475 480

Thr Leu Ser Val Thr Lys Arg Ser Gly Ala Ser Ile Leu Gln Ala Gly
 485 490 495

Cys

<210> 16
 <211> 1314
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<400> 16
 gaattcgggt ggagtcctga aggagggcct gatgtcttca tcattctcaa attcttgtaa 60
 gctctgcgtc gggtgaaacc agacaaagcc gcgagcccag ggatgggagc acgcggggga 120
 cggcctgccg gcggggacga cagcattgcg cctgggtgca gcagtgtgcy tctcggggaa 180
 ggggaagatat tttaaggcgt gtctgagcag acggggaggc ttttccaaac ccaggcagct 240
 tcgtggcgtg tgcggtttcg acccggtcac acaaagcttc agcatgtcat gtgaggacgg 300
 tcggggccctg aaaggaacgc tctcggaatt ggccgcggaa accgatctgc ccgttggtt 360
 tgtgaaacag agaaagatag gcggccatgg tccaaccttg aaggcttata aggagggcag 420
 acttcaaaag ctactaaaaa tgaacggccc tgaagatctt cccaagtcct atgactatga 480
 ccttatcatc attggaggtg gctcaggagg tctggcagct gctaaggagg cagcccaata 540
 tggcaagaag gtgatggtcc tggactttgt cactcccacc cctcttgga ctagatgggg 600
 tcttgaggga acatgtgtga atgtgggttg catacctaaa aaactgatgc atcaagcagc 660
 tttgttagga caagccctgc aagactctcg aaattatgga tggaaagtcg aggagacagt 720
 taagcatgat tgggacagaa tgatagaagc tgtacagaat cacattggct ctttgaattg 780
 gggctaccga gtagctctgc gggagaaaaa agtcgtctat gagaatgctt atgggcaatt 840
 tattggtcct cacaggatta aggcaacaaa taataaaggc aaagaaaaaa tttattcagc 900
 agagagtttt ctcatgcca ctggtgaaag accacgttac ttgggcatcc ctggtgacaa 960
 agaatactgc atcagcagtg atgatctttt ctcttgctt tactgcccgg gtaagaccct 1020
 ggttggtgga gcacccatg tcgctttgga gtgcgctgga tttcttgctg gtattgggtt 1080

aggcgtcact gttatgggta ggtccattct tcttagagga tttgaccagg acatggccaa 1140
 caaaattggt gaacacatgg aagaacatgg catcaagttt ataagacagt tcgtaccaat 1200
 taaagttgaa caaattgaag cagggacacc aggccgactc agagtagtag ctcagtccac 1260
 caatagtgag gaaatcattg aaggagaata taatacggtg atgctggcaa tagg 1314

<210> 17
 <211> 201
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 17

Met Cys Ala Ala Arg Leu Ala Ala Ala Ala Gln Ser Val Tyr Ala
 1 5 10 15

Phe Ser Ala Arg Pro Leu Ala Gly Gly Glu Pro Val Ser Leu Gly Ser
 20 25 30

Leu Arg Gly Lys Val Leu Leu Ile Glu Asn Val Ala Ser Leu Cys Gly
 35 40 45

Thr Thr Val Arg Asp Tyr Thr Gln Met Asn Glu Leu Gln Arg Arg Leu
 50 55 60

Gly Pro Arg Gly Leu Val Val Leu Gly Phe Pro Cys Asn Gln Phe Gly
 65 70 75 80

His Gln Glu Asn Ala Lys Asn Glu Glu Ile Leu Asn Ser Leu Lys Tyr
 85 90 95

Val Arg Pro Gly Gly Gly Phe Glu Pro Asn Phe Met Leu Phe Glu Lys
 100 105 110

Cys Glu Val Asn Gly Ala Gly Ala His Pro Leu Phe Ala Phe Leu Arg
 115 120 125

Glu Ala Leu Pro Ala Pro Ser Asp Asp Ala Thr Ala Leu Met Thr Asp
 130 135 140

Pro Lys Leu Ile Thr Trp Ser Pro Val Cys Arg Asn Asp Val Ala Trp
 145 150 155 160

Asn Phe Glu Lys Phe Leu Val Gly Pro Asp Gly Val Pro Leu Arg Arg
 165 170 175

Tyr Ser Arg Arg Phe Gln Thr Ile Asp Ile Glu Pro Asp Ile Glu Ala
 180 185 190

Leu Leu Ser Gln Gly Pro Ser Cys Ala
195 200

<210> 18
<211> 856
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 18
cttggttcggg gcgctccgct ggcttcttgg acaattgcgc catgtgtgct gctcggttag 60
cggcgggcggc ggcccagtcg gtgtatgcct tctcggcgcg cccgttggcc ggcggggagc 120
ctgtgagcct gggctccctg cggggcaagg tactacttat cgagaatgtg gcgtccctct 180
gaggcaccac ggtccgggac tacaccacaga tgaacgagct gcagcggcgc ctcggacccc 240
ggggcctggg ggtgctcggc ttcccgtgca accagtttgg gcatcaggag aacgccaaga 300
acgaagagat tctgaattcc ctcaagtacg tccggcctgg tgggtgggttc gagcccaact 360
tcatgctctt cgagaagtgc gaggtgaacg gtgcgggggc gcaccctctc ttcgccttcc 420
tgcgggaggc cctgccagct cccagcgacg acgccaccgc gcttatgacc gaccccaagc 480
tcatcacctg gtctccggtg tgtcgcaacg atgttgccctg gaactttgag aagttcctgg 540
tgggccctga cgggtgtgcc ctacgcaggt acagccgccg cttccagacc attgacatcg 600
agcctgacat cgaagccctg ctgtctcaag ggcccagctg tgcctagggc gcccctccta 660
ccccggctgc ttggcagttg cagtgtctgt gtctcggggg ggttttcate tatgaggggtg 720
tttctcttaa acctacgagg gaggaacacc ttgatcttac agaaaatacc acctcgagat 780
gggtgctggg cctgttgatc ccagtctctg ccagaccaag gcgagtttcc ccactaataa 840
agtgccgggt gtcagc 856

<210> 19
<211> 60
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> probe (NMSOD)

<400> 19
gaacaacagg ccttattcca ctgctgggga ttgatgtgtg ggagcacgct tactaccttc 60

<210> 20
<211> 60
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> probe (TXNRD1)

<400> 20
cgtgttggtg gctttcacgt actgggtcca aatgctggag aagttacaca aggctttgca 60

<210> 21
<211> 60
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> probe (GPX2)

<400> 21
tacagccgca ccttcccaac catcaacatt gagcctgaca tcaagcgct ccttaaagtt 60

<210> 22
<211> 60
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> probe (GPX3)

<400> 22
ctcttctggg aacccatgaa gggtcacgac atccgctgga actttgagaa gttcctggtg 60

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

10/525019

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum
Internationales Büro



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum
4. März 2004 (04.03.2004)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer
WO 2004/019037 A3

(51) Internationale Patentklassifikation⁷: G01N 33/50,
C12Q 1/68

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP2003/009229

(22) Internationales Anmeldedatum:
20. August 2003 (20.08.2003)

(25) Einreichungssprache: Deutsch

(26) Veröffentlichungssprache: Deutsch

(30) Angaben zur Priorität:
102 38 046.5 20. August 2002 (20.08.2002) DE

(81) Bestimmungsstaaten (*national*): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NI, NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SY, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(84) Bestimmungsstaaten (*regional*): ARIPO-Patent (GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), europäisches Patent (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IT, LU, MC, NL, PT, RO, SE, SI, SK, TR), OAPI-Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

(71) Anmelder und
(72) Erfinder: GIESING, Michael [DE/DE]; Zum Herzfeld 5, 49536 Lienen (DE).

(72) Erfinder; und
(75) Erfinder/Anmelder (*nur für US*): SUCHY, Bernhard [DE/DE]; Alte Grenzstrasse 89, 45663 Recklinghausen (DE).

(74) Anwälte: KINZEBACH, Werner usw.; Reitsstötter, Kinzebach & Partner (GbR), Sternwartstrasse 4, 81679 München (DE).

Veröffentlicht:

- mit internationalem Recherchenbericht
- vor Ablauf der für Änderungen der Ansprüche geltenden Frist; Veröffentlichung wird wiederholt, falls Änderungen eintreffen

(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen
Recherchenberichts: 10. Juni 2004

Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.

(54) Title: METHOD FOR ANALYZING BODY FLUIDS FOR THE PRESENCE OF CANCER CELLS, USE THEREOF, CORRESPONDING ANALYSIS KITS, AND USE OF SPECIFIC ACTIVE SUBSTANCES FOR TREATING CANCER

(54) Bezeichnung: VERFAHREN ZUM UNTERSUCHEN VON KÖRPERFLÜSSIGKEITEN AUF KREBSZELLEN SOWIE ENTSPRECHENDE ANALYSEKITS

(57) Abstract: The invention relates to a method for analyzing body fluids for the presence of cancer cells, to the use thereof, to corresponding analysis kits, and to the possibilities for treating cancer that arise therefrom. The method is essentially based on the determination of the manganese superoxide dismutase, thioredoxin reductase, and/or glutathione peroxidase gene expression. The use of this method enables, in particular, a reliable diagnosis and prognosis of tumors. The reduction of an elevated expression of these genes has a therapeutic result and can be used for treating cancer.

(57) Zusammenfassung: Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zum Untersuchen von Körperflüssigkeiten auf Krebszellen, dessen Verwendung und entsprechende Analysekits. Das Verfahren basiert im wesentlichen auf der Bestimmung der Mangan-Superoxiddismutase-, Thioredoxinreduktase-, und/oder Glutathionperoxidase-Genexpression. Die Anwendung dieses Verfahrens erlaubt insbesondere eine sichere Tumordiagnose und -prognose. Die Verminderung einer erhöhten Expression dieser Gene hat therapeutischen Wert und kann für die Behandlung von Krebs genutzt werden.

WO 2004/019037 A3



INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/EP 03/09229

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER
 IPC 7 G01N33/50 C12Q1/68

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 7 G01N C12Q

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

EPO-Internal, WPI Data, BIOSIS, MEDLINE, PAJ, EMBASE

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	SARTO C ET AL: "MODIFIED EXPRESSION OF PLASMA GLUTATHIONE PEROXIDASE AND MANGANESE SUPEROXIDE DISMUTASE IN HUMAN RENAL CELL CARCINOMA" ELECTROPHORESIS, WEINHEIM, DE, vol. 20, no. 17, November 1999 (1999-11), pages 3458-3466, XP001176871 ISSN: 0173-0835	1,9
Y	das ganze Dokument, insbesondere S. 3458 --- -/-	2-8

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents :

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

29 March 2004

Date of mailing of the international search report

23/04/2004

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
 NL - 2280 HV Rijswijk
 Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
 Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

STEINHEIMER, K

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No
PCT/EP 03/09229

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	BOER JUDITH M ET AL: "Identification and classification of differentially expressed genes in renal cell carcinoma by expression profiling on a global human 31,500-element cDNA array" GENOME RESEARCH, COLD SPRING HARBOR LABORATORY PRESS, US, vol. 11, no. 11, November 2001 (2001-11), pages 1861-1870, XP002215718 ISSN: 1088-9051	9
Y	das ganze Dokument, insbesondere Seite 1866	2-8
Y	--- WO 96 29430 A (WAYNE JOHN CANCER INST ; NAT GENETICS INST (US)) 26 September 1996 (1996-09-26) das ganze Dokument, insbesondere S. 4-12	2-8
A	--- MOERK H ET AL: "INVERSE MRNA EXPRESSION OF THE SELENOCYSTEINE-CONTAINING PROTEINS GI-GPX AND SEP IN COLORECTAL ADENOMAS COMPARED WITH ADJACENT NORMAL MUCOSA" NUTRITION AND CANCER, LONDON, GB, vol. 37, no. 1, 2000, pages 108-116, XP008014221 ISSN: 0163-5581 the whole document	1-9
A	--- SARTO C ET AL: "RENAL CELL CARCINOMA AND NORMAL KIDNEY PROTEIN EXPRESSION" ELECTROPHORESIS, WEINHEIM, DE, vol. 18, no. 3/4, 1997, pages 599-604, XP008026280 ISSN: 0173-0835 the whole document	1-9
A	--- GLADYSHEV VADIM N ET AL: "Contrasting patterns of regulation of the antioxidant selenoproteins, thioredoxin reductase, and glutathione peroxidase, in cancer cells" BIOCHEMICAL AND BIOPHYSICAL RESEARCH COMMUNICATIONS, vol. 251, no. 2, 20 October 1998 (1998-10-20), pages 488-493, XP002272356 ISSN: 0006-291X abstract	1-9
	--- -/-	

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No
PCT/EP 03/09229

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	<p>BRAVARD A ET AL: "Modifications of the antioxidant enzymes in relation to chromosome imbalances in human melanoma cell lines"</p> <p>MELANOMA RESEARCH, vol. 8, no. 4, August 1998 (1998-08), pages 329-335, XP009026564 ISSN: 0960-8931 das ganze Dokument, insbesondere Seiten 333-334</p>	1-9
A	<p>PESKIN A V ET AL: "SUPER OXIDE DIS MUTASE AND GLUTATHIONE PER OXIDASE ACTIVITIES IN TUMORS"</p> <p>FEBS LETTERS, vol. 78, no. 1, 1977, pages 41-45, XP002272358 ISSN: 0014-5793 the whole document</p>	1-9
A	<p>KAHLOS KATRIINA ET AL: "Manganese superoxide dismutase in healthy human pleural mesothelium and in malignant pleural mesothelioma"</p> <p>AMERICAN JOURNAL OF RESPIRATORY CELL AND MOLECULAR BIOLOGY, vol. 18, no. 4, April 1998 (1998-04), pages 570-580, XP002272359 ISSN: 1044-1549 das ganze Dokument, insbesondere S. 570</p>	1-9

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/EP 03/09229

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☒ Claims Nos.: 10
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
see supplemental sheet FURTHER INFORMATION PCT/ISA/210

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. ☐ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

Continuation of Box I.2

The current claim 10 relates to a product or compound characterised by a desirable attribute or property, namely the reduction in the expression of two specific genes.

The claim therefore encompasses all the products, etc. that have this attribute or property, yet the application does not provide any support in the description (PCT Article 5) for any such compounds. In the present case the claim lacks the proper support and the application lacks the requisite disclosure to such an extent that it does not appear possible to carry out a meaningful search covering the entire range of protection sought. Regardless of the above, the claim also lacks the requisite clarity (PCT Article 6) since it attempts to define the product in terms of the result which is to be achieved. Again, this lack of clarity is such that it is not possible to carry out a meaningful search covering the entire range of protection sought. The claim could therefore not be searched.

The applicant is advised that claims or parts of claims relating to inventions in respect of which no international search report has been established cannot normally be the subject of an international preliminary examination (PCT Rule 66.1(e)). In its capacity as International Preliminary Examining Authority the EPO generally will not carry out a preliminary examination for subjects that have not been searched. This also applies to cases where the claims were amended after receipt of the international search report (PCT Article 19) or where the applicant submits new claims in the course of the procedure under PCT Chapter II.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/EP 03/09229

Patent document cited in search report		Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9629430	A	26-09-1996	AU 5310296 A	08-10-1996
			EP 0871768 A1	21-10-1998
			WO 9629430 A1	26-09-1996
			US 6057105 A	02-05-2000

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP 03/09229

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES
IPK 7 G01N33/50 C12Q1/68

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)
IPK 7 G01N C12Q

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

EPO-Internal, WPI Data, BIOSIS, MEDLINE, PAJ, EMBASE

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	SARTO C ET AL: "MODIFIED EXPRESSION OF PLASMA GLUTATHIONE PEROXIDASE AND MANGANESE SUPEROXIDE DISMUTASE IN HUMAN RENAL CELL CARCINOMA" ELECTROPHORESIS, WEINHEIM, DE, Bd. 20, Nr. 17, November 1999 (1999-11), Seiten 3458-3466, XP001176871 ISSN: 0173-0835	1,9
Y	das ganze Dokument, insbesondere S. 3458 --- -/-	2-8



Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen



Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

"E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

"&" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

29. März 2004

Absenddatum des internationalen Recherchenberichts

23/04/2004

Name und Postanschrift der internationalen Recherchenbehörde
Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

STEINHEIMER, K

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	BOER JUDITH M ET AL: "Identification and classification of differentially expressed genes in renal cell carcinoma by expression profiling on a global human 31,500-element cDNA array" GENOME RESEARCH, COLD SPRING HARBOR LABORATORY PRESS, US, Bd. 11, Nr. 11, November 2001 (2001-11), Seiten 1861-1870, XP002215718 ISSN: 1088-9051	9
Y	das ganze Dokument, insbesondere Seite 1866	2-8
Y	--- WO 96 29430 A (WAYNE JOHN CANCER INST ;NAT GENETICS INST (US)) 26. September 1996 (1996-09-26) das ganze Dokument, insbesondere S. 4-12	2-8
A	--- MOERK H ET AL: "INVERSE MRNA EXPRESSION OF THE SELENOCYSTEINE-CONTAINING PROTEINS GI-GPX AND SEP IN COLORECTAL ADENOMAS COMPARED WITH ADJACENT NORMAL MUCOSA" NUTRITION AND CANCER, LONDON, GB, Bd. 37, Nr. 1, 2000, Seiten 108-116, XP008014221 ISSN: 0163-5581 das ganze Dokument	1-9
A	--- SARTO C ET AL: "RENAL CELL CARCINOMA AND NORMAL KIDNEY PROTEIN EXPRESSION" ELECTROPHORESIS, WEINHEIM, DE, Bd. 18, Nr. 3/4, 1997, Seiten 599-604, XP008026280 ISSN: 0173-0835 das ganze Dokument	1-9
A	--- GLADYSHEV VADIM N ET AL: "Contrasting patterns of regulation of the antioxidant selenoproteins, thioredoxin reductase, and glutathione peroxidase, in cancer cells" BIOCHEMICAL AND BIOPHYSICAL RESEARCH COMMUNICATIONS, Bd. 251, Nr. 2, 20. Oktober 1998 (1998-10-20), Seiten 488-493, XP002272356 ISSN: 0006-291X Zusammenfassung	1-9
	--- -/-	

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	<p>BRAVARD A ET AL: "Modifications of the antioxidant enzymes in relation to chromosome imbalances in human melanoma cell lines"</p> <p>MELANOMA RESEARCH, Bd. 8, Nr. 4, August 1998 (1998-08), Seiten 329-335, XP009026564 ISSN: 0960-8931 das ganze Dokument, insbesondere Seiten 333-334</p>	1-9
A	<p>PESKIN A V ET AL: "SUPER OXIDE DIS MUTASE AND GLUTATHIONE PER OXIDASE ACTIVITIES IN TUMORS"</p> <p>FEBS LETTERS, Bd. 78, Nr. 1, 1977, Seiten 41-45, XP002272358 ISSN: 0014-5793 das ganze Dokument</p>	1-9
A	<p>KAHLOS KATRIINA ET AL: "Manganese superoxide dismutase in healthy human pleural mesothelium and in malignant pleural mesothelioma"</p> <p>AMERICAN JOURNAL OF RESPIRATORY CELL AND MOLECULAR BIOLOGY, Bd. 18, Nr. 4, April 1998 (1998-04), Seiten 570-580, XP002272359 ISSN: 1044-1549 das ganze Dokument, insbesondere S. 570</p>	1-9

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen
PCT/EP 03/09229

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
2. ☒ Ansprüche Nr. 10
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210
3. ☐ Ansprüche Nr.
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.
4. ☐ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Fortsetzung von Feld I.2

Ansprüche Nr.: 10

Der geltende Patentanspruch 10 bezieht sich auf ein Produkt/eine Verbindung, die charakterisiert ist durch eine erstrebenswerte Eigenheit oder Eigenschaft, nämlich der Verminderung der Expression von 2 spezifischen Genen.

Der Patentanspruch umfasst daher alle Produkte etc., die diese Eigenheit oder Eigenschaft aufweisen, wohingegen die Patentanmeldung Stütze durch die Beschreibung im Sinne von Art. 5 PCT für keine einzige solche Verbindung liefert. Im vorliegenden Fall fehlt dem Patentanspruch die entsprechende Stütze bzw. der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den gesamten erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Dessen ungeachtet fehlt dem Patentanspruch auch die in Art. 6 PCT geforderte Klarheit, nachdem in ihnen versucht wird, das Produkt über das jeweils erstrebte Ergebnis zu definieren. Auch dieser Mangel an Klarheit ist dergestalt, daß er eine sinnvolle Recherche über den gesamten erstrebten Schutzbereich unmöglich macht. Daher konnte keine Recherche des Anspruchs durchgeführt werden.

Der Anmelder wird darauf hingewiesen, daß Patentansprüche, oder Teile von Patentansprüchen, auf Erfindungen, für die kein internationaler Recherchenbericht erstellt wurde, normalerweise nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein können (Regel 66.1(e) PCT). In seiner Eigenschaft als mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde wird das EPA also in der Regel keine vorläufige Prüfung für Gegenstände durchführen, zu denen keine Recherche vorliegt. Dies gilt auch für den Fall, daß die Patentansprüche nach Erhalt des internationalen Recherchenberichtes geändert wurden (Art. 19 PCT), oder für den Fall, daß der Anmelder im Zuge des Verfahrens gemäß Kapitel II PCT neue Patentansprüche vorlegt.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP 03/09229

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 9629430	A	26-09-1996	AU 5310296 A 08-10-1996
		EP 0871768 A1 21-10-1998	
		WO 9629430 A1 26-09-1996	
		US 6057105 A 02-05-2000	